DE

189 815/03-10/2010

HLA Typing

Typisierungssoftware

Version 2.1

CE

Copyright (c) Bio-Rad Medical Diagnostics GmbH
Alle Rechte vorbehalten

Inhaltsverzeichnis

1 Installation 3
1.1 Was ist die HLA Typing Software? 3
1.2 Systemvoraussetzung 3
1.3 Server-Installation 4
1.4 Überprüfung der Installation 8
1.5 Installation der Clients 9
1.6 Datenbank-Transfer 10
1.7 Leistungsumfang der HLA Typing Software 12

2 Erste Schritte 13
2.1 UserManager / Benutzerverwaltung 13
2.1.1 Der Administrator 13
2.1.2 Benutzer verwalten 15
2.1.3 Benutzer an/abmelden 17
2.2 Labor-Verwaltung 18
2.3 Einstellungen 22
2.4 Testchargen aktualisieren 24
2.4.1 Download aus dem Internet 24
2.4.2 Import der Testchargen 27
2.5 Aktivieren der Testchargen 28
2.6 Träger definieren 30
2.7 Träger löschen 31

3 Arbeiten mit der Software 32
3.1 Patienten 32
3.1.1 Patienten anlegen 32
3.1.2 Patienten importieren 33
3.2 Pipettiererdaten importieren 34
3.3 Import rückgängig machen 35

4 Suchen 37
4.1 Suchen-Hauptfenster 37
4.1.1 Filtereinstellungen 39
4.1.2 Platten manuell anlegen 40
4.1.3 Patient zuordnen 41
4.1.4 Reaktionen eingeben 42
4.1.4.1 Reaktionen manuell eingeben 42
4.1.4.2 Reaktionen mit Reader einlesen 42
4.1.5 Batchtypisierung 44
4.1.6 Typisierungsdialog 45
4.1.6.1 Typisieren 45
4.1.6.2 Probendaten 46
4.1.6.3 Grafik und Cutoffs 46
4.1.6.4 Typisierungsoptionen 47
4.1.6.5 Anzeige der Ergebnisse 47
4.1.6.6 Kommentare 50
4.1.6.7 Freigabe 50
4.1.7 Ermittlung von Ergebnistabellen 51
4.1.8 Ermittlung von NMDP Codes 52
4.1.9 Drucken/Export 53
4.2 Drucken/Export: erweiterte Funktionen 53
4.3 Allel-Häufigkeiten festlegen 55
4.4 Fenster 56
4.5 Online-Hilfe 56
4.6 Das Programm beenden 56

5 Anhang 57
5.1 Reader konfigurieren 57
5.2 Pipettierer konfigurieren 59
5.2.1 Einstellungen: Tecan 59
5.2.1.1 Test erstellen 60
5.2.1.2 Test löschen 60
5.2.2 Einstellungen: Quickstep 61
5.3 Hinweis Datensicherung 61
5.4 Hinweis Datenschutz 61
5.5 Software-Meldungen / Wie reagieren? 62

6 Index 66

1 Installation

1.1 Was ist die HLA Typing Software?

Die HLA Typing Software dient dazu, Typisierungsergebnisse in übersichtlicher Form darzustellen, auszuwerten und zu speichern. Es spielt keine Rolle, ob Sie Ihre HLA-Tests manuell, mit dem Reader oder mit einem automatisierten System abarbeiten. Nach der Auswertung können mit der HLA Typing Software schnell Befunde erstellt, als Datei exportiert oder gedruckt werden.

Die HLA Typing Software ist Multi-User-fähig, das bedeutet, es kann von mehreren Arbeitsplätzen aus auf dieselben Daten zugegriffen werden. Diese Option, ursprünglich für große Labors gedacht, ist auch für kleinere Labors sinnvoll, da man hiermit bei Ausfall einer Auswertestation über ein perfektes Backup-System verfügt.

Das vorliegende Handbuch stellt eine kurze Anleitung zur Installation und Anwendung der Typisierungssoftware dar.

1.2 Systemvoraussetzung

Computer:

- Betriebssystem Windows 2000 oder Windows XP Professional Service Pack 2
  (unter anderen Windows-Betriebssystemen ist der Betrieb möglich, wird jedoch nicht getestet)
- Min. freier lokaler Plattenspeicher: 100 MB
- Min. Arbeitsspeicher: 256 MB
- Bildschirmauflösung 1024 x 768

> ***Hinweis:***
>
> Die Option "Große Schriftarten" darf nicht ausgewählt sein!

- Für Mehrbenutzerbetrieb: Netzwerkverbindung zum Server

> ***Hinweis:***
>
> Falls zwischen Server und Clients eine Firewall geschaltet ist (z.B. bei Windows XP ServicePack 2), muss Port 3050 freigegeben sein.

Für Mehrbenutzerbetrieb: Falls bereits ein Firebird-Server in Betrieb ist, muss auf diesem ein User "ADMIN" angelegt sein. Das Anlegen dieses Users erfolgt über den Datenbankserverbefehl "gsec.exe -user sysdba -pass masterkey -add admin -pw nimda"
(Ordner „..\Programme\Firebird\Firebird_2_0\bin").

- Wird ein Internetupdate der Testchargendaten gewünscht, muss eine Verbindung zum Internet und ein Internetbrowser existieren.

> ***Hinweis:***
>
> Sollte Ihr PC-System den Systemvoraussetzungen nicht entsprechen, kann dies zu Fehlern, langen Wartezeiten und evtl. zu Programmabstürzen führen!

Empfehlungen beim Anschluss eines Readers:

- abgeschirmtes serielles Kabel, Länge ≤ 2m
- Übertragungsrate ≤ 9600 Baud
- Verlegung der Leitung nicht in der Nähe von elektromagnetischen Feldern
- Parameterabstimmung im Reader-Setup

1.3 Server-Installation

Diese Installation wird durchgeführt:

- bei Einzelplatz-Betrieb auf dem betreffenden Rechner
- bei Mehrplatz-Betrieb auf dem Server, der für alle Arbeitsplätze die Daten und das Programm zur Verfügung stellt

Die Installation wird durch Doppelklick auf Setup.exe gestartet.
In der Folge wird man vom Installations-Assistenten durch den gesamten Installationsvorgang geführt.

Die Installation beginnt mit dem Firebird-Begrüßungsbildschirm:

Setup - Firebird Database Server 2.0
Welcome to the Firebird Database Server 2.0 Setup Wizard
This will install Firebird 2.0.0 on your computer.
It is recommended that you close all other applications before continuing.
Click Next to continue, or Cancel to exit Setup.
Next >
Cancel

<Next> anklicken

→ Es erscheint die Lizenzvereinbarung. "I accept..." anklicken und auf <Next>

→ Es erscheint eine Information. Diese können Sie im Installationsverzeichnis des Datenbankservers als Datei readme.txt nachlesen. <Next> anklicken

→ Es wird ein Ordner vorgeschlagen, in welchem der Server installiert werden soll. Diese Angaben sollten Sie übernehmen, indem Sie einfach auf <Next> klicken

→ Es wird ein Auswahlmenü angezeigt. Auch hier sollten Sie nichts ändern, sondern mit <Next> fortfahren.

Danach klicken Sie noch zwei Mal auf <Next>, ohne etwas an den vorgegebenen Einstellungen zu ändern. Danach wird nochmals eine Übersicht über die ausgewählten Optionen angezeigt. Diesmal klicken Sie auf <Install>.

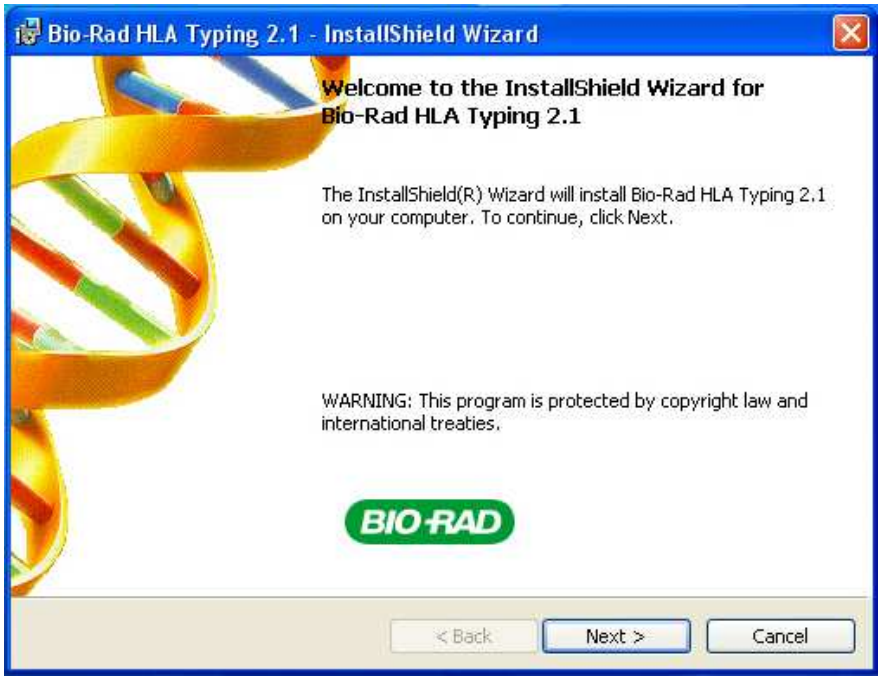
→ Danach erscheint nochmals eine Information. Hier geht es mit <Next> weiter.

→ Jetzt wird endlich installiert. Mit <Finish> wird dieser Teil der Installation abgeschlossen

Hinweis:

Wir empfehlen ab HLA Typing 2.0 als Datenbankserver eine Verwendung von Firebird 2.0. Sollten Sie noch mit Interbase 6.0 arbeiten und dieses ausschließlich für die HLA Typing Software verwenden, deinstallieren Sie Interbase 6.0 nach der Installation von Firebird über die Windows Systemsteuerung.

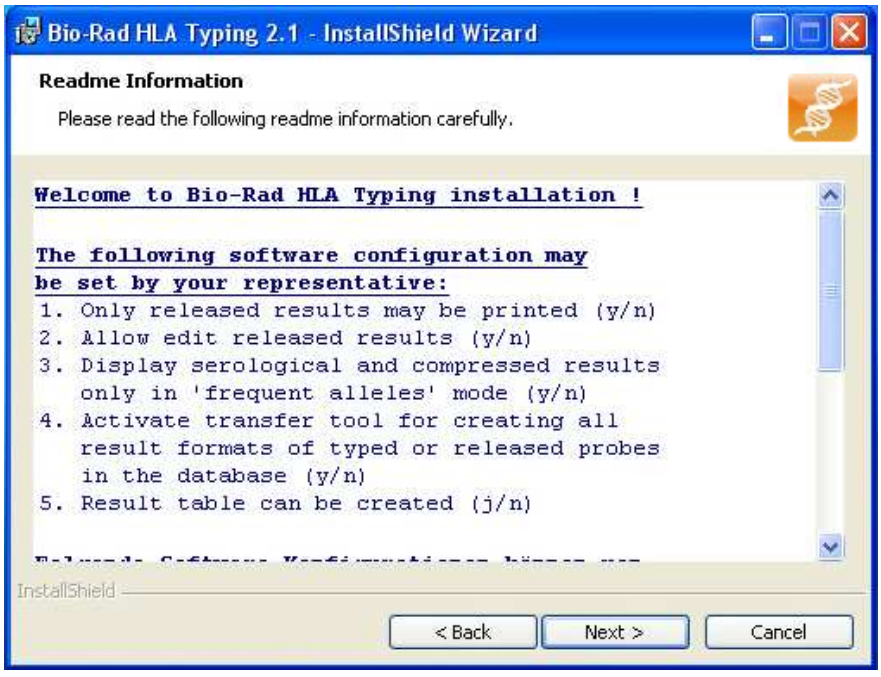
Nach Installation der Datenbank erfolgt die Installation der eigentlichen Software. Bei Start der HLATyping Software Installation erscheint folgender Bildschirm:


Bio-Rad HLA Typing 2.1 - InstallShield Wizard
Welcome to the InstallShield Wizard for Bio-Rad HLA Typing 2.1
The InstallShield(R) Wizard will install Bio-Rad HLA Typing 2.1 on your computer. To continue, click Next.
WARNING: This program is protected by copyright law and international treaties.
BIO-RAD
< Back
Next >
Cancel

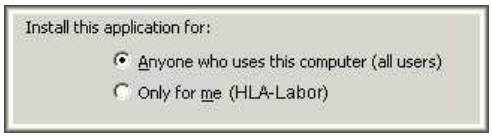
Es wird dringend empfohlen, die vorgegebenen Einstellungen zu belassen und alles, was der Installations-Assistent vorschlägt, mit Drücken der <Next>- oder <Finish>-Taste zu bestätigen.

Natürlich gibt es dazu eine Ausnahme. Den Lizenzbestimmungen müssen Sie aktiv zustimmen, d.h. den Knopf <I accept...> anwählen. Erst dann ist die <Next>-Taste verfügbar.

Nach der Zustimmung zu den Lizenzbestimmungen werden wichtige Informationen zur Konfiguration angezeigt. Diese kann man auch in der Datei readme.rtf nachlesen:


Bio-Rad HLA Typing 2.1 - InstallShield Wizard
Readme Information
Please read the following readme information carefully.
Welcome to Bio-Rad HLA Typing installation !
The following software configuration may be set by your representative:
1. Only released results may be printed (y/n)
2. Allow edit released results (y/n)
3. Display serological and compressed results only in 'frequent alleles' mode (y/n)
4. Activate transfer tool for creating all result formats of typed or released probes in the database (y/n)
5. Result table can be created (j/n)
InstallShield
< Back
Next >
Cancel

Im nächsten Schritt darf man sich mit Namen eintragen, und man entscheidet, ob das Programm für jeden, der den Rechner benutzt, zur Verfügung steht, oder nur für den zur Zeit eingeloggten Benutzer:



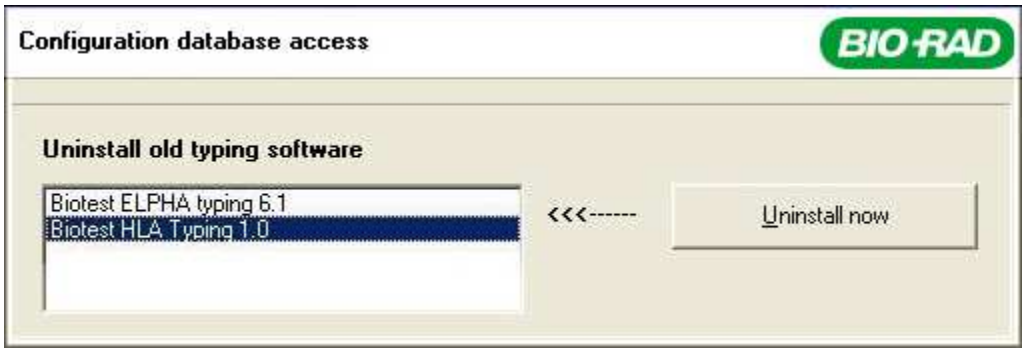
Mit <Next> geht es weiter mit der Auswahl des Installationsortes. Auch hier sollte man den Vorschlag des Assistenten nur mit gutem Grund ändern.

Es erscheint nochmals ein Überblick über die Einstellungen. Falls diese korrekt sind, wird die Installation durch Anklicken von <Install> gestartet.
Nach ein bisschen Warten erscheint folgender Bildschirm:

Bio-Rad HLA Typing 2.1 - InstallShield Wizard
InstallShield Wizard Completed
The InstallShield Wizard has successfully installed Bio-Rad HLA Typing 2.1. Click Finish to exit the wizard.
BIO-RAD
< Back
Finish
Cancel

Nach Anklicken der <Finish>-Taste ist die Software zwar installiert, es fehlen aber noch wichtige Einstellungen.

Bei einem Update wird im nächsten Fenster die Möglichkeit gegeben, die alte Software zu deinstallieren:



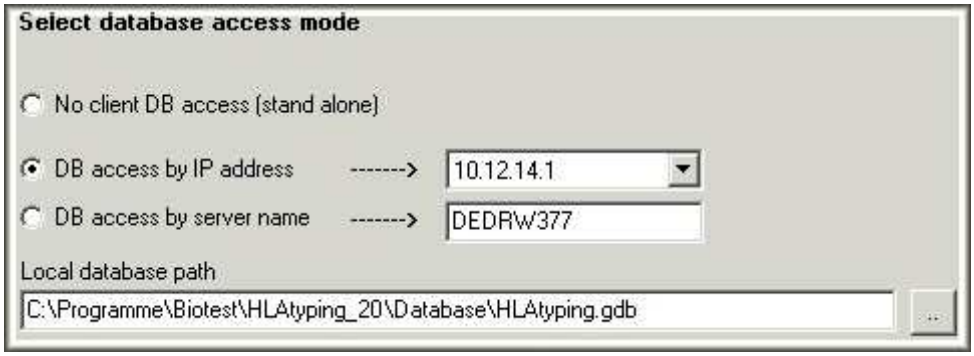
Hinweis:

Es wird dringend empfohlen, die Deinstallation durchzuführen. Alle geänderten Dateien wie zum Beispiel die alten Datenbanken werden nicht deinstalliert. Sie können in einem nächsten Schritt in die neue Version transferiert werden.

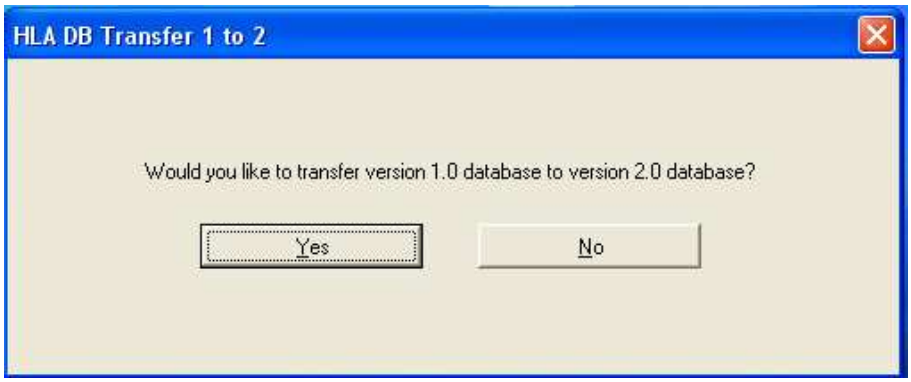
Bis zu diesem Moment war die Installation für ein Einzelplatz-System und für den Server eines Multiuser-Systems identisch. Erst jetzt trennen sich die Wege.

Für ein Einzelplatz-System wird im unteren Bereich des Fensters die erste Option angewählt:

Für ein Mehrplatz-System wird eingetragen, wie der Server identifiziert wird: über seine IP-Adresse oder über seine Bezeichnung:

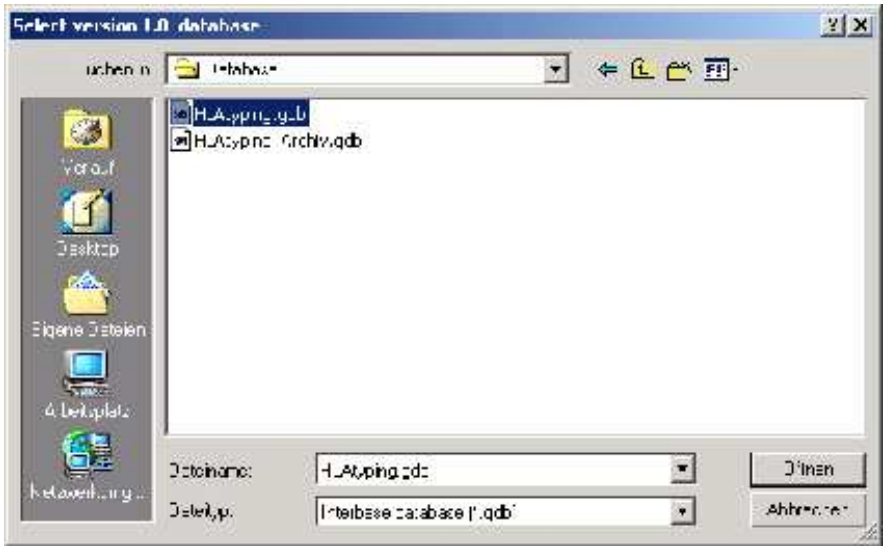


Nach Anklicken von <OK> wird gefragt, ob die Datenbank aus einer bisherigen Installation übernommen werden soll:



Bei einer Neuinstallation geht es mit <No> weiter.
Bei einem Update wird <Yes> ausgewählt. Da sich die Datenbankstruktur von Version 1.0 und 2.0 unterscheidet, muss die alte Datenbank konvertiert werden, damit sie weiter genutzt werden kann. Hier wird der Pfad zur Datenbank eingegeben.

Der Standard-Pfad:
C:\Programme\Bio-Rad\HLATyping_1005\Database\HLAtyping.gdb ist bereits eingetragen:



<Öffnen> anklicken, um die Konvertierung zu starten.

Die Konvertierung kann - je nach Größe der Datenbank - eine Weile dauern. In dieser Zeit wird ein Fenster mit dem Hinweis "Tranfering database..." angezeigt.

Nach der Konvertierung erscheint die folgende Meldung:

Hinweis:

Falls die Konvertierung fehlschlägt, erscheint ein Warnhinweis.
Die alte Datenbank wird nach der Konvertierung nicht gelöscht!

Nun ist die HLA Typing Software installiert!

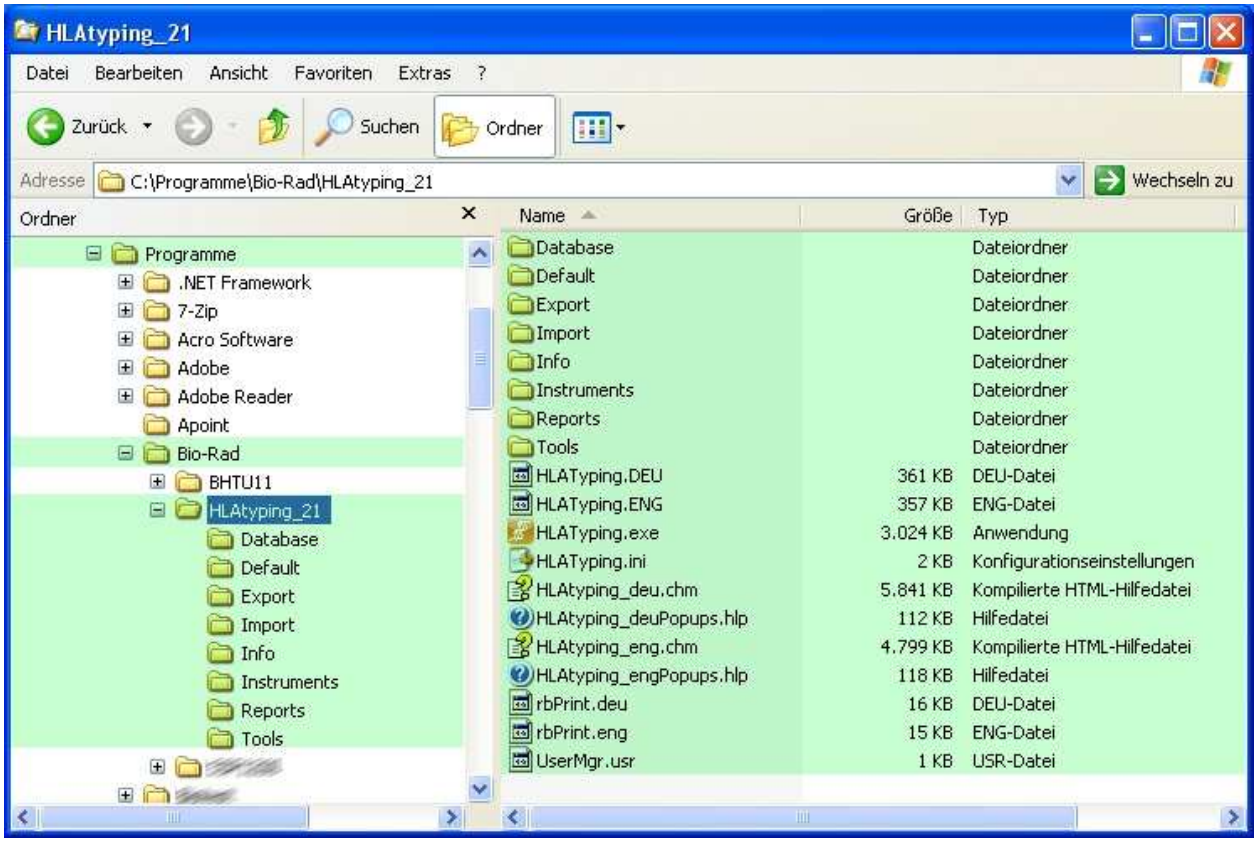
Bei einem Mehrplatz-System folgt nun die Einrichtung der Clients.

Auch bei einem Einzelplatz-System kann man noch nicht sofort loslegen.

Erst wenn alles, was unter Erste Schritte steht, durchgearbeitet ist, kann typisiert werden!

1.4 Überprüfung der Installation

Nach der Installation von HLA Typing Software 2.0 finden sich im Installationsverzeichnis die farbig markierten Ordner und Dateien:



1.5 Installation der Clients

Diese Installation wird bei Mehrplatzsystemen auf jedem Arbeitsplatz durchgeführt.

Hinweise:

Bevor Sie die Clients installieren, muss die Installation des Servers abgeschlossen sein.

Der Netzwerk-Administrator muss den Zugriff auf den Server gewährleisten. Auf dem Server muss das Installationsverzeichnis der Software für den Client freigegeben sein, und der Client-Rechner muss über ein Netzlaufwerk für diese Freigabe verfügen.

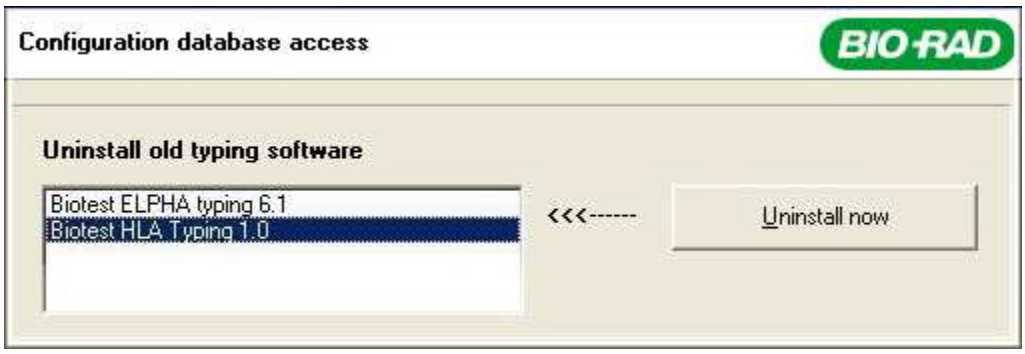
Es muss bekannt sein, wie der Server von den Clients identifiziert werden kann (IP-Adresse oder Serverbezeichnung).

Auf dem Server befindet sich im Ordner **\Bio-Rad\HLAtyping_20\Tools** das Programm **BHTclient.exe**. Dieses wird nun auf jedem Arbeitsplatz über das verbundene Netzlaufwerk ausgeführt.

Wichtig!

Clients der Version 1.0.0.5 können ab HLA Typing Version 2.0 nicht mehr verwendet werden! Sie müssen bei einem Update deinstalliert werden, um Fehlbedienungen zu vermeiden.

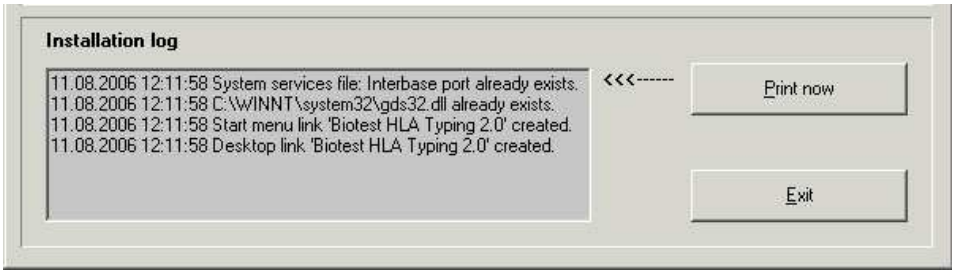
→ Dazu wird die alte Software ausgewählt und durch Anklicken von <Uninstall now> deinstalliert:



Als Nächstes wird im Bereich **Install Client Software** der Pfad zum Server und zur **HLAtyping.exe** ausgewählt. Nach Anklicken von <Öffnen> ist dieser im Feld "Installation path" eingetragen.

Durch Anklicken von <Install now> wird der Arbeitsplatz für die Benutzung der HLAtyping Software konfiguriert.

Was genau installiert wurde, kann im **Installation log** nachgesehen werden. Dieses kann über <Print now> auch ausgedruckt werden:


Installation log
11.08.2006 12:11:58 System services file: Interbase port already exists.
11.08.2006 12:11:58 C:\WINNT\system32\gds32.dll already exists.
11.08.2006 12:11:58 Start menu link 'Biotest HLA Typing 2.0' created.
11.08.2006 12:11:58 Desktop link 'Biotest HLA Typing 2.0' created.
<<<------
Print now
Exit

<Exit> anklicken, um das Setup-Fenster zu schließen.

Auf dem Desktop des Rechners findet sich dieses Icon:

Nun ist die HLA Typing Software installiert!

Aber noch kann man nicht loslegen. Erst wenn alles, was unter "Erste Schritte" steht, durchgearbeitet ist, kann typisiert werden!

1.6 Datenbank-Transfer

Bei einem Update der HLA Typing Software von Version 1.0.0.5 auf 2.0 ändert sich die Struktur der Datenbank. Deswegen ist es zwingend erforderlich, alte Datenbanken, die Sie weiterhin nutzen wollen, auf Version 2.0 zu transferieren.

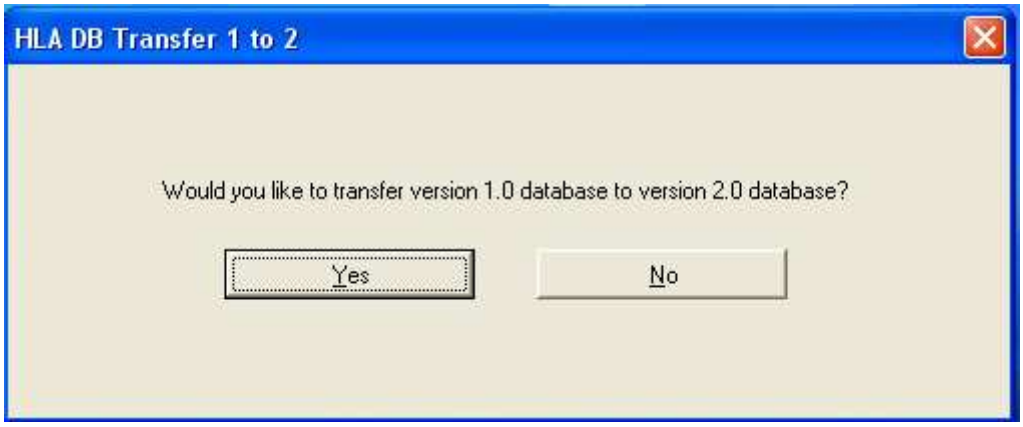
Hinweis:

Während der Installation wird abgefragt, ob Sie eine vorhandene Datenbank transferieren wollen. Wenn Sie bisher nur mit einer Datenbank gearbeitet haben und diese gleich beim Update auf den neuen Stand gebracht haben, brauchen Sie nichts weiter zu unternehmen.

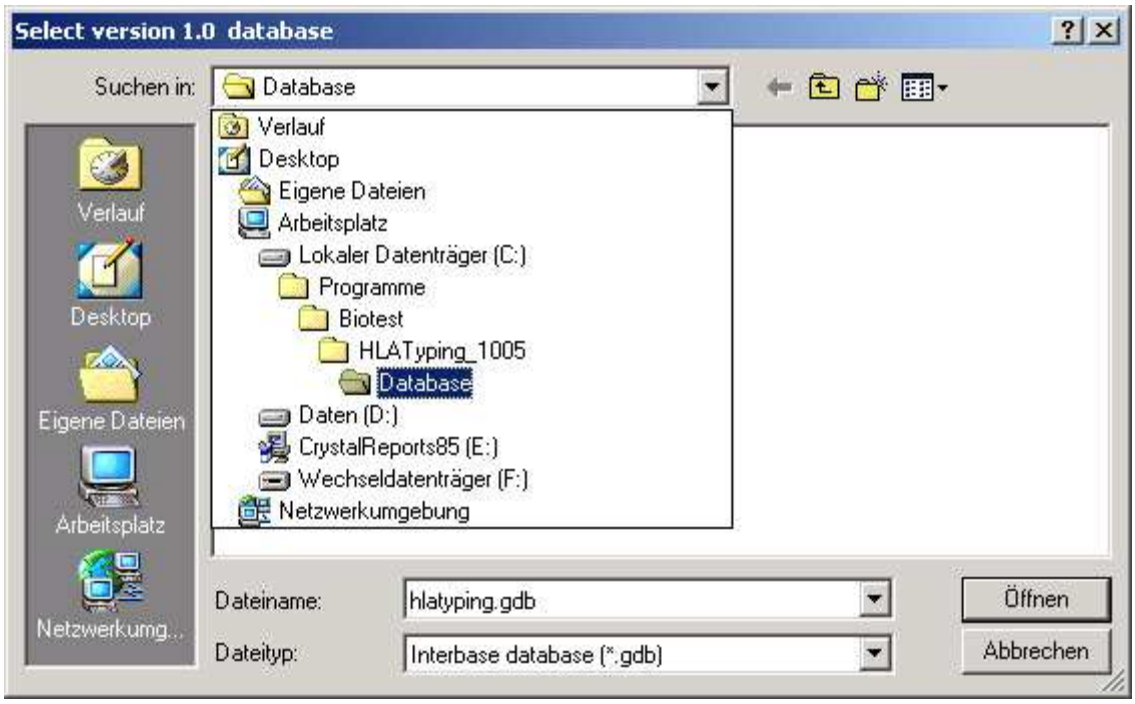
Falls Sie jedoch beim Update die Frage "Would you like to transfer...?" mit <No> beantwortet haben, dann können Sie nachträglich die Datenbank transferieren.

Auf dem Server findet sich das Verzeichnis **..\HLAtyping_20\Tools**. Darin befindet sich das Programm **HLAtyping_1_to_2.exe**

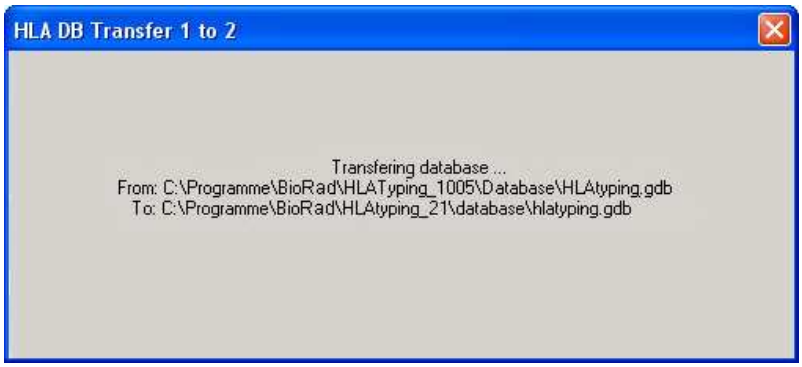
Beim Start erscheint der folgende Bildschirm:



Bei Anklicken von <Yes> erscheint das Windows-**Öffnen**-Menü, wobei der Standard-Pfad bereits ausgewählt ist. Falls Ihre Datenbank an einem anderen Ort abgespeichert ist, können Sie sie hier auswählen:



Nach Anklicken von <Öffnen> wird angezeigt, dass der Transfer durchgeführt wird:



Dies kann - je nach Größe der Datenbank - einige Zeit in Anspruch nehmen.

→ Der erfolgreiche Transfer wird angezeigt:

Hinweis:

Wenn mehrere Datenbanken in das neue Format transferiert werden sollen, beachten Sie, dass die Datenbank nach dem Transfer den Namen **HLAtyping.gdb** trägt und im Verzeichnis ...\Database gespeichert wird. Wenn dort bereits eine Datenbank abgelegt ist, die weiter verwendet werden soll, muss diese an einem separaten Ort gesichert werden, um Verlust von Daten durch Überschreiben zu vermeiden!

1.7 Leistungsumfang der HLA Typing Software

Die HLA Typing Software verfügt über folgende Funktionen:

	Modul
1	Testchargen importieren, Infos über jede Charge in Testliste
2	Anzeige von Testchargen, Auswahl aktuell verwendeter Testchargen
3	Träger definieren
4	Suchen - Datenbank: Verwaltung aller Daten, umfangreiche Filterfunktion
5	variable Einstellung der Pfade für Import und Datenbank
6	variable Vorgabe für automatisch generierten Plattennamen
7	Verwendung der NMDP-Codes, zusätzlich zur DNA- und serologischen Nomenklatur
8	Tests manuell anlegen
9	Patient zuordnen, Patientendaten ändern
10	Reaktionen eingeben
11	Typisieren im Batch oder einzeln über Typisierungsdialog, explizite Freigabe
12	Online-Hilfe und <F1>-Hilfe
13	Import der Daten von automatisierten Plattformen
14	Auswertung der OD-Werte von Reader
15	Befunde drucken
16	Befunde exportieren
17	Import von Patientendaten
18	Allelfrequenzen verwalten
19	mehrere Labore verwalten
20	Multiuser-Betrieb
21	Proben löschen
22	Ergebnistabelle für alle Ergebnisformate erzeugen

2 Erste Schritte

2.1 User Manager / Benutzerverwaltung

Es muss jederzeit nachvollziehbar sein, wer einen Typisierungsbefund erstellt hat. Deswegen verfügt die HLA Typing Software über die Benutzerverwaltung.

Dabei wird unterschieden zwischen dem Administrator, der die Benutzer verwalten soll, und den Benutzern, die Befunde erstellen dürfen.

Der Administrator vergibt die Benutzernamen und legt fest, welchen Anforderungen ein Passwort genügen muss. Er legt fest, welche Berechtigungen ein Benutzer hat. So kann z.B. durch die Festlegung der Rechte für Auswertung und Freigabe das 4-Augen-Prinzip gewährleistet werden. Der Administrator selber ist jedoch nicht berechtigt, Typisierungen durchzuführen oder Befunde auszugeben.

Der Benutzer kann sein Passwort ändern, hat jedoch keinen weiteren Zugriff auf die Benutzerverwaltung. Er kann jedoch - im Rahmen seiner Berechtigungen - alle Labor-Arbeiten durchführen wie z.B. Chargen verwalten, typisieren, freigeben oder Befunde drucken.

Beim Verlassen des Arbeitsplatzes kann sich ein Benutzer mit einem Mausklick abmelden, ohne das Programm zu beenden.

Bei Nutzung der Benutzerverwaltung können folgende Hinweise auf dem Monitor erscheinen:

Soll der Benutzer *nnn* wirklich gelöscht werden?
Erscheint, wenn beabsichtigt wird, einen Benutzer aus der Liste zu löschen

Passwort entspricht nicht dem Kriterium:
Das eingegebene Passwort entspricht nicht dem vom Systemadministrator hinterlegten Passwortkriterium

Passwort nicht bestätigt!
Die Passwortwiederholung ist falsch

Benutzername bereits vorhanden!
Versuch, einen neuen Benutzer anzulegen, dessen Name schon existiert

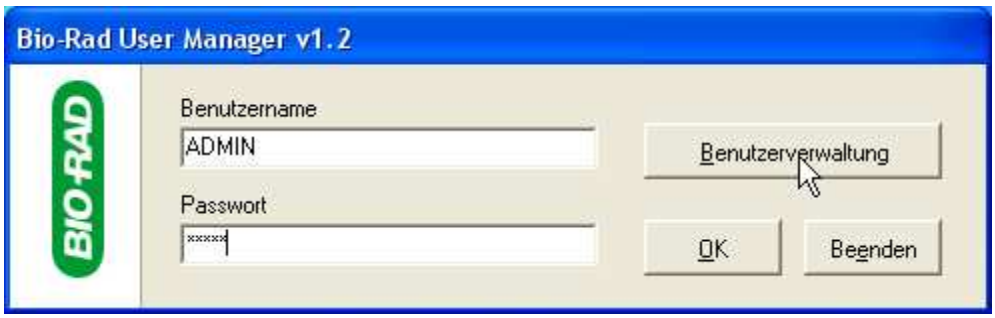
Passwort abgelaufen! Bitte neues Passwort eingeben.
Erscheint, wenn Passwort gemäß der vom Systemadministrator hinterlegten Kriterien abgelaufen ist

Mehr als 3 Fehlversuche! Bitte informieren Sie den Systemadministrator.
Der Systemadministrator hat max. 3 Fehlversuche für die Passworteingabe erlaubt, diese wurden überschritten

Keine Benutzersprache ausgewählt.
Jeder Benutzer benötigt die Angabe seiner Dialogsprache

2.1.1 Der Administrator

Der Administrator vergibt die Benutzernamen und legt fest, welchen Anforderungen ein Passwort genügen muss. Er legt fest, welche Berechtigungen ein Benutzer hat. So kann z.B. durch die Festlegung der Rechte für Auswertung und Freigabe das 4-Augen-Prinzip gewährleistet werden. Der Administrator selber ist jedoch nicht berechtigt, Typisierungen durchzuführen oder Befunde auszugeben.
Wenn der Administrator sich anmeldet, hat er Zugriff auf die Benutzerverwaltung:



Beim ersten Einloggen lautet das Passwort ADMIN - admin. Der Administrator sollte danach sein Passwort ändern.

→ Es erscheint der Benutzerverwaltungs-Dialog:

Neu: Es wird ein neuer Benutzer angelegt -> siehe Benutzerverwaltung

Ändern: Hier kann der Administrator sein Passwort ändern.

Löschen: Der Administrator kann nicht gelöscht werden!
Auf der rechten Seite werden allgemeine Einstellungen vorgenommen, die für alle Benutzer gelten:

Passwortkriterium

Es kann festgelegt werden, wie viele Zeichen das Passwort haben muss, und ob darin auch Ziffern vorkommen müssen.

Passwort verfällt

Nach Ablauf der hier festgelegten Zeit muss beim Einloggen ein neues Passwort vergeben werden.

Passwort-Versuche

Bei Überschreiten der hier festgelegten Anzahl Versuche kann sich der Benutzer nicht mehr einloggen und muss sich an den Administrator wenden. (Sie sind der Administrator? Und haben Ihr Passwort vergessen?? Wenden Sie sich an den Bio-Rad-Support!)

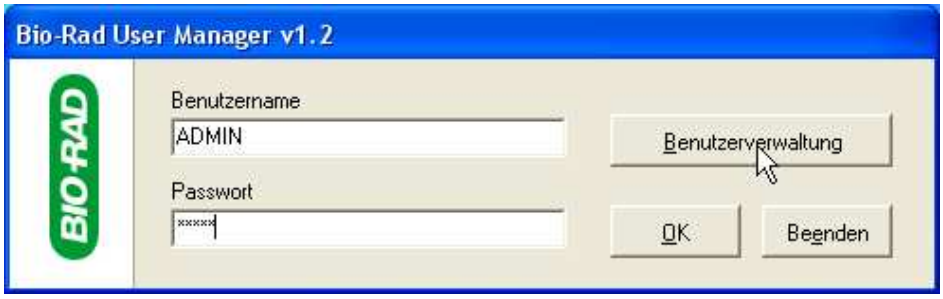
Hinweis:

Wie unten ersichtlich, hat der Administrator innerhalb der HLA Typing Software nur äußerst eingeschränkte Berechtigungen. So wird sichergestellt, dass nicht beliebig viele Leute als "Admin" die Software nutzen. Damit bleibt eine korrekte Dokumentation und Rückverfolgbarkeit der Befundung gewährleistet.

2.1.2 Benutzer verwalten

Der Benutzer kann sein Passwort ändern, hat jedoch keinen weiteren Zugriff auf die Benutzerverwaltung. Er kann jedoch - im Rahmen seiner Berechtigungen - alle Labor-Arbeiten durchführen wie z.B. Chargen verwalten, typisieren, freigeben oder Befunde drucken.

Die Benutzerverwaltung liegt in den Händen des Administrators, nur dieser hat darauf Zugriff!



- Beim Anklicken von <Benutzerverwaltung> erscheint der Benutzerverwaltungs-Dialog:

- Im Fenster rechts neben der Liste der Benutzer werden allgemeine Einstellungen vorgenommen. Diese sind im Kapitel "Der Administrator" beschrieben.
- Mit <Neu> wird ein neuer Benutzer angelegt:

Benutzername:

Diesen Namen muss der Benutzer beim Login eintragen. Er sollte deswegen gut zu merken und nicht allzu lang sein.

Passwort:

Bei der Einrichtung des Benutzers sollte der Benutzername in Kleinbuchstaben als Passwort vergeben werden. Beim ersten Einloggen sollte der Benutzer dann das Passwort ändern.

Benutzersprache:

Für jeden Benutzer wird festgelegt, in welcher Sprache die Software arbeitet (zur Zeit Deutsch oder Englisch).

Modulberechtigung:

Die Benutzerrechte können gezielt für Teilbereiche der Software vergeben werden. Um das 4-Augen-Prinzip zu gewährleisten, können z.B. die Berechtigungen für die Typisierung und die Berechtigung für die Freigabe an verschiedene Benutzer vergeben werden.

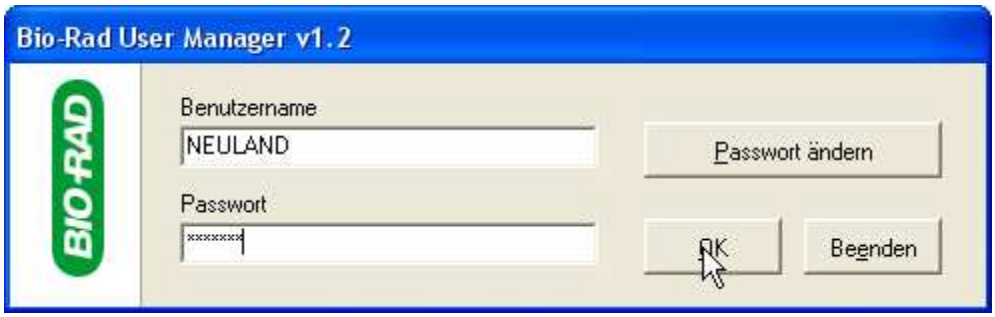
- Mit der rechten Maustaste können Sie ein Kontextmenü aufrufen, um alle Module gleichzeitig an- oder abzuwählen:

- Mit <OK> werden die Benutzerdaten abgespeichert.

2.1.3 Benutzer an/abmelden

Beim Verlassen des Arbeitsplatzes kann sich ein Benutzer mit einem Mausklick abmelden, ohne das Programm zu beenden: einfach auf das traurige Gesicht klicken!

Der neue Benutzer klickt auf das fröhliche Gesicht, daraufhin wird der Login-Bildschim angezeigt:



→ Passwort eingeben, auf <OK> klicken, und schon kann man arbeiten!

- Nach der Eingabe des Benutzernamens und des aktuellen Passwort kann das eigene Passwort geändert werden (z. B. wenn dieses verfallen ist). Dazu nicht auf <OK>, sondern auf <Passwort ändern> klicken.

→ Es erscheint ein Eingabefenster, in dem das neue Passwort eingegeben werden kann:

- Mit <OK> gelangt man danach in die HLA Typing Software.

Hinweis:

Sie haben Ihr Passwort vergessen? Der Administrator hilft weiter!

2.2 Labor-Verwaltung

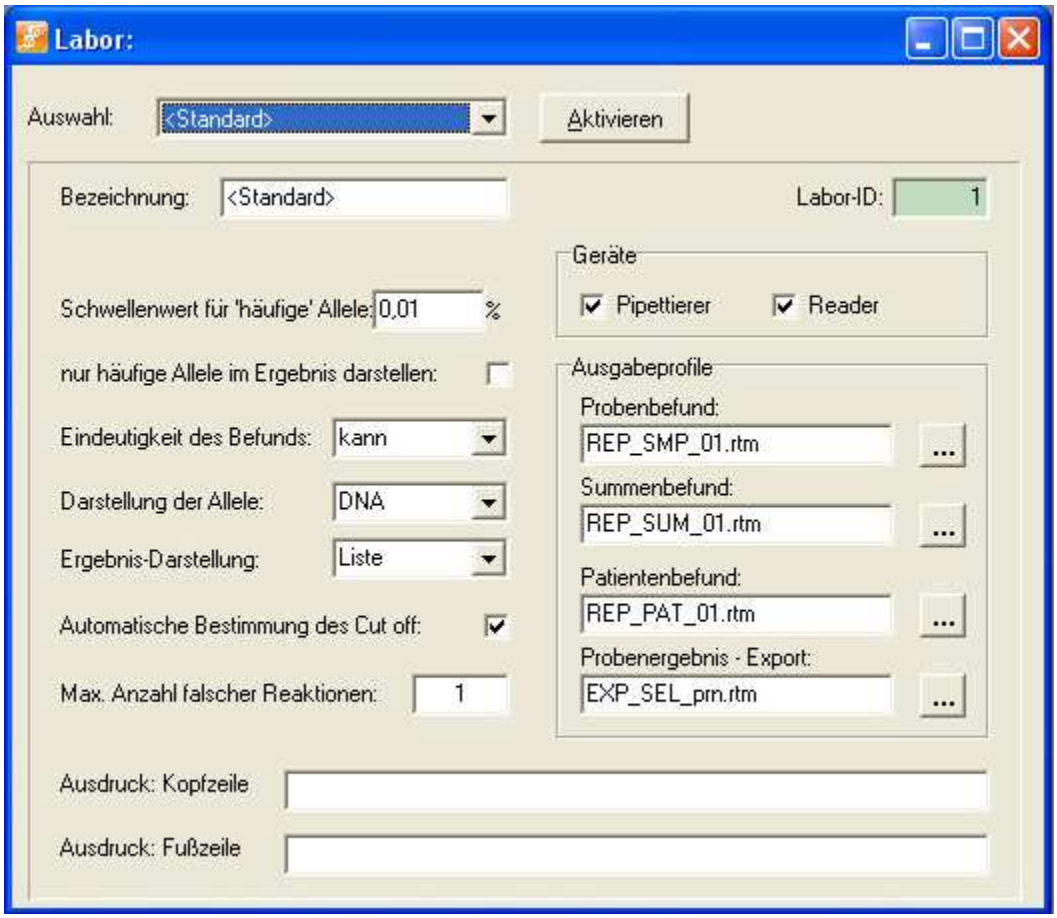
Aufruf über **Labor - Labore verwalten**
Hier werden die Grundeinstellungen für Ihr Labor eingetragen.
Es können mehrere Laborprofile hinterlegt werden. So können z.B. für verschiedene Arbeitsbereiche unterschiedliche Anforderungen für die Ergebnisdarstellung, unterschiedliche Ausdrucke etc. hinterlegt werden.

Neues Laborprofil erstellen

Nach Aufruf von Labor - Labore verwalten oben auf Neu klicken. Nun kann ein Name für das neue Laborprofil vergeben werden.

Optionen einstellen

Auf der linken Seite stellen Sie die Bedingungen ein, unter denen das neu eingerichtete Labor im Normalfall typisieren soll. Falls es nötig sein sollte, können Sie bei einer einzelnen Typisierung diese Einstellungen jederzeit ändern. Sie können z.B. die maximale Anzahl falscher Reaktionen in den Einstellungen Ihres Labors auf 0 stellen, um einen möglichst klaren Befund zu erhalten. Falls Sie bei einer Probe kein Ergebnis erhalten, können sie dann im Einzelfall im Typisierungsdialog die Anzahl der Fehlpositionen schrittweise erhöhen, bis eine sinnvolle Typisierung erfolgt.



Die einzelnen Optionen

Schwellenwert

Der Schwellenwert bestimmt, ab welcher Frequenz ein Allel als häufig betrachtet wird.

Eine Allelkombination wird als häufig eingestuft, wenn alle Allele der Kombination eine Frequenz besitzen, die größer oder gleich dem Schwellenwert ist.

Je höher der Schwellenwert, desto weniger Ergebnisse erhalten Sie, wenn Sie sich nur die häufigen Allelekombinationen anzeigen lassen.

Nur häufige Allele
ankreuzen, wenn Darstellung der häufigen Allelkombinationen ausreicht.

Eindeutigkeit des Befundes

kann - Ergebnis kann freigegeben werden, ohne dass der Nutzer eine bestimmte Allelkombination als die Wahrscheinlichste markieren muss

soll - Bei Freigabe erscheint ein Hinweis, dass eine Allelkombination als die Wahrscheinlichste ausgewählt werden sollte. Es kann aber trotzdem ohne Markierung freigegeben werden.

muss - Ein Ergebnis muss als das Wahrscheinlichste markiert werden, sonst ist keine Freigabe möglich

Darstellung der Allele
Nomenklatur der Ergebnisse: DNA, Serologisch oder Komprimiert

Ergebnis-Darstellung
Liste, String oder NMDP-Codes

Es empfiehlt sich, NMDP Codes über die Routine zur Berechnung von Ergebnistabellen berechnen zu lassen (Taschenrechnersymbol im **Suchen** Dialog bzw. Menüpunkt „Ergebnistabelle erzeugen“, siehe Kapitel 4.1.7 und 4.1.8).

Hinweis:

Wenn Sie im Labor als Ergebnis-Darstellung “NMDP Codes” wählen, kann dies zu längeren Wartezeiten beim Öffnen des Typisierungsdialogs führen!

Automatische Bestimmung des Cutoff
Automatische Anpassung des Cutoff an aktuelle Reaktionsstärken ein- oder ausschalten

Max Anzahl falscher Reaktionen
Als Grundeinstellung 0, 1 oder 2 möglich. Kann in einzelner Tyisierung bis auf 5 erhöht werden.

Ausdruck: Kopfzeile
Frei definierbare Kopfzeile, die auf jedem Befundausdruck erscheint.

Ausdruck: Fußzeile

Frei definierbare Fußzeile, die auf jedem Befundausdruck erscheint.

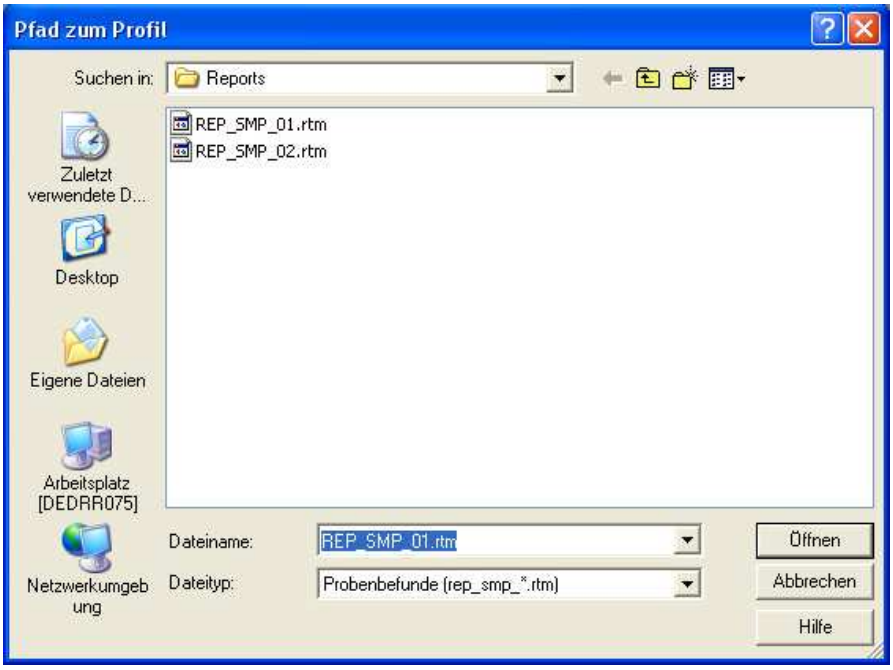
Labor-ID
Wird von der Software vergeben

Geräte
Ankreuzen, wenn ein Reader und/oder Pipettierer verwendet wird.

Ausgabeprofile

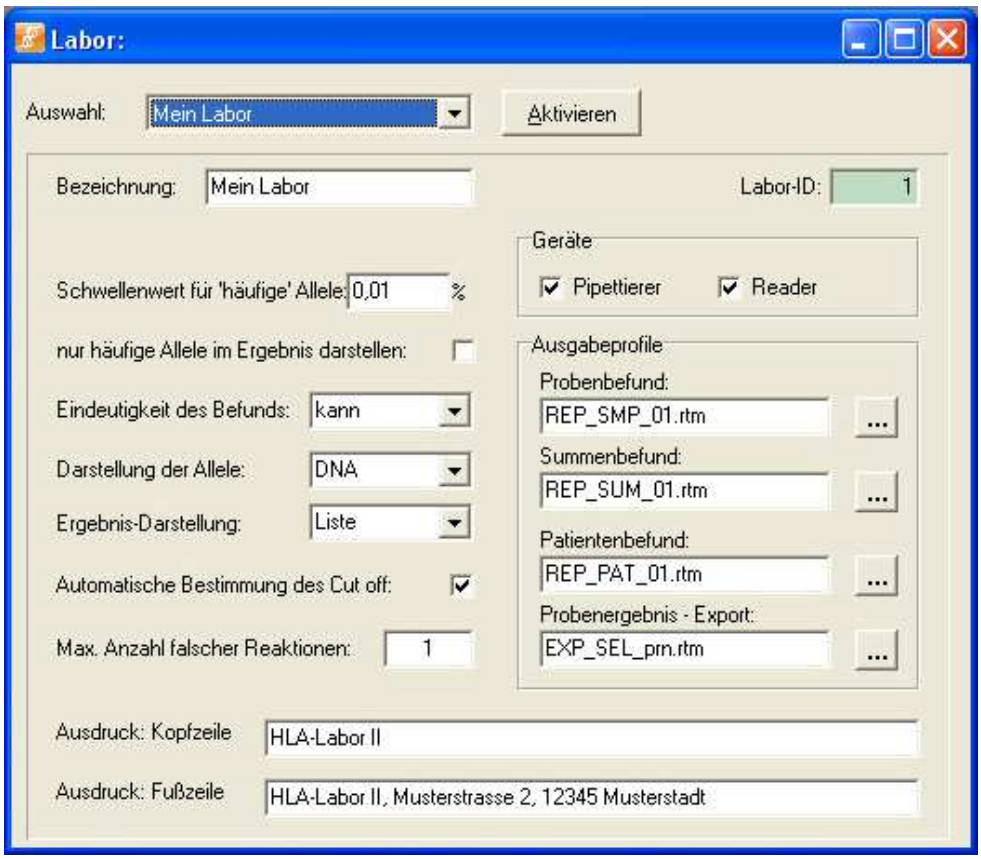
Die Standard-Ausgabeprofile sind voreingestellt. Falls Sie sie einmal ändern müssen, gehen Sie folgendermaßen vor:

- Wenn Sie auf "..." drücken, erscheint das folgende Auswahlfenster, in dem Sie das passende Profil für den Befunddruck auswählen. Diese Auswahl wird für den Probenbefund, den Summenbefund und den Patientenbefund getrennt vorgenommen.



- Auf <Öffnen> klicken, und das Druckprofil wird eingetragen.

→ So sieht die fertig konfigurierte Laborverwaltung aus:



Laborprofil aktivieren

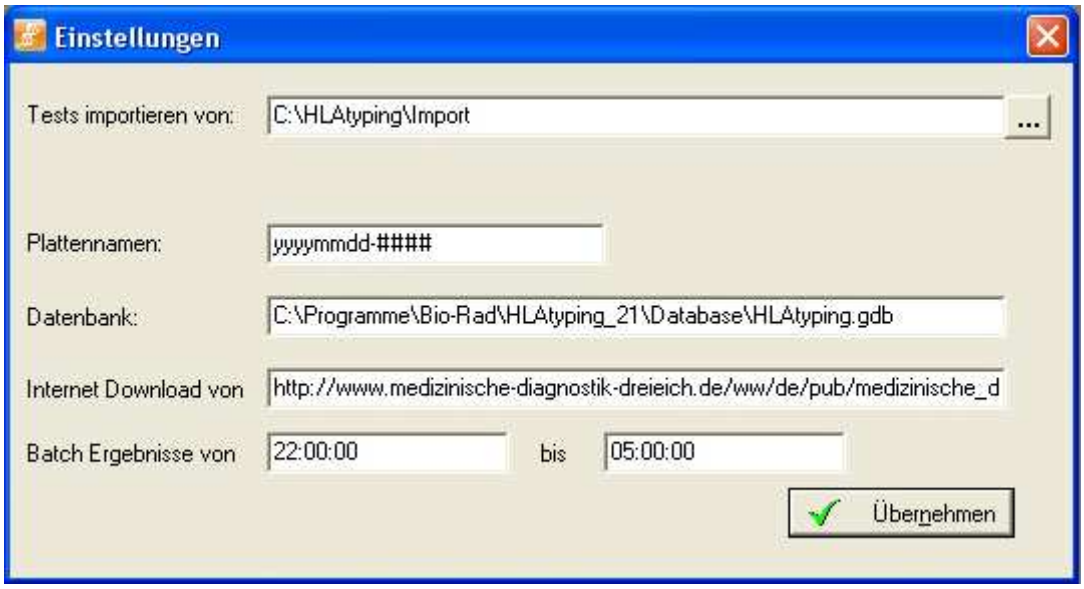
Die verschiedenen Labore bzw. Arbeitsbereiche können in der "Auswahl"-Liste angewählt werden. Durch Drücken der <Aktivieren>-Taste wird die Auswahl bestätigt:

→ Das so ausgewählte Labor ist nun aktiv. Das aktuell aktivierte Labor wird jeweils unten links in der Statuszeile des Programms, neben dem angemeldeten Benutzer angezeigt:

2.3 Einstellungen

Aufruf über **Extras - Einstellungen**

Diese Grundeinstellungen werden benötigt, damit die Software korrekt arbeiten kann.



Die Felder werden bei der Installation ausgefüllt. Hier können sie dann, wenn nötig, geändert werden.

Test importieren von:

Wo kommen die Testchargen her?

→ Pfad hier eintragen

Plattennamen:

Jede Platte braucht einen eindeutigen Namen. Dieser kann bei manuellem Anlegen einer Platte automatisch generiert werden. Hier wird hinterlegt, nach welchem System der Plattenname zusammengestellt wird. Im vorgegebenen Beispiel würde sich der Plattenname aus 4 Ziffern für das Jahr (=yyyy) zwei Ziffern für den Monat (=mm), zwei Ziffern für den Tag (=dd) und einer vierstelligen laufenden Nummer zusammensetzen. Wenn der Eintrag hier fehlt, erscheint beim manuellen Anlegen einer Platte die folgende Fehlermeldung:

Datenbank:

Hier werden alle Daten abgelegt! Chargendaten, Typisierungsergebnisse, Patienten...
Falls Sie an einem Mehrplatzsystem (Multi-User-System) arbeiten, wird die Datenbank für alle Arbeitsplätze zentral auf dem Server bereitgestellt. Der hier eingetragene Pfad ist demnach der Pfad zum Server.

Wichtiger Hinweis für Ihre EDV-Abteilung:

Bei Verlust oder Beschädigung dieser Datei droht der unwiederbringliche Verlust aller Patienten- und Probendaten. Die Datenbank muss daher regelmäßig gesichert werden!

Internet-Download von

Bio-Rad stellt die Chargendaten im Internet bereit. Von hier können sie - Internetzugang vorausgesetzt - genau wie von einer Chargendiskette importiert werden. Der eingetragene Pfad ist der Pfad zum Bio-Rad Internet Downloadbereich.

Batch Ergebnisse von … bis

Falls bei der Installation die Funktion "Ergebnistabellen erzeugen" aktiviert wurde, kann hier der Zeitraum eingestellt werden, in welchem diese Ergebnistabellen erzeugt werden sollen (siehe Kapitel 4.1.7).

Hinweis:

Es empfiehlt sich, einen Zeitraum zu wählen, in welchem mit der Software nicht gearbeitet wird (z.B. nachts), da der Arbeitsspeicher durch diese Funktion stark beansprucht wird.

2.4 Testchargen aktualisieren

2.4.1 Download aus dem Internet

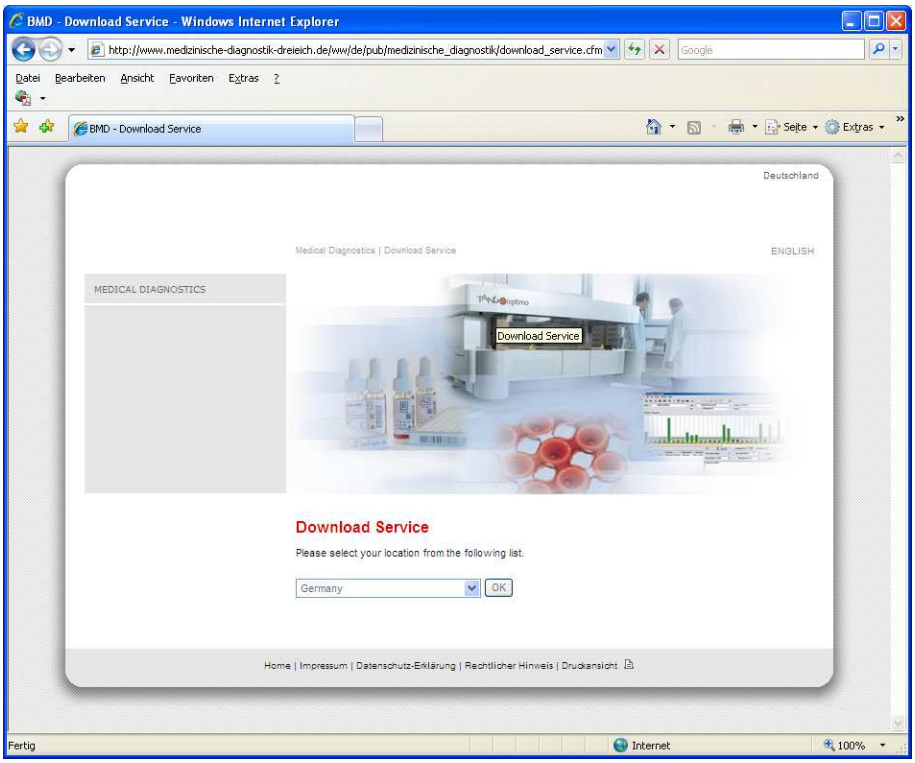
Bevor Sie typisieren können, müssen die verwendeten Testchargen in die Software eingelesen werden. Die aktuellen Chargen werden bei der Installation im Verzeichnis "Import" mitgegeben. Bei jeder neuen Testkit-Charge müssen Sie die Chargendaten aus dem Internet downloaden und in die Software importieren. Dabei gehen Sie wie in diesem Kapitel beschrieben vor.

Bio-Rad stellt die Chargendaten im Internet als ZIP-Dateien bereit. Diese können aus der HLA Typing Software heraus heruntergeladen werden.

Erst müssen Sie den Zugang zum Internet sicherstellen. Sie müssen online sein, wenn Sie Chargen aus dem Internet herunterladen wollen. Die HLA Typing Software kann von sich aus keine Internet-Verbindung aufbauen.

Das Menü **Datei - importieren - Testcharge aus Internet herunterladen...** aufrufen.

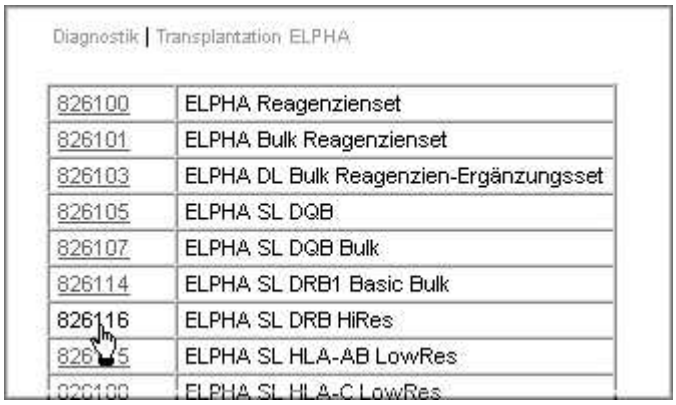
→ Die Download-Seite wird in Ihrem Browser angezeigt:



→ Als Nächstes wählen Sie Ihr Land aus der Liste aus und klicken auf <OK>.

→ Es erscheint eine Liste der Bio-Rad Diagnostika Bereiche. Hier wählen Sie **Transplantation ELPHA** aus:

Als Nächstes werden alle ELPHA Produkte angezeigt. Wählen Sie hier den Testkit aus, für den Sie die Chargendaten benötigen:


Diagnostik | Transplantation ELPHA
826100 ELPHA Reagenzienset
826101 ELPHA Bulk Reagenzienset
826103 ELPHA DL Bulk Reagenzien-Ergänzungsset
826105 ELPHA SL DQB
826107 ELPHA SL DQB Bulk
826114 ELPHA SL DRB1 Basic Bulk
826116 ELPHA SL DRB HiRes
826125 ELPHA SL HLA-AB LowRes
826126 ELPHA SL HLA-C LowRes

Es erscheint eine Liste der verfügbaren Chargen für diesen Testkit und den dazu erhältlichen Download-Dateien. Die Chargendaten erhalten Sie, wenn Sie bei Ihrer neuen Charge <SW> anklicken:

Für diese Charge sind weitere Informationen erhältlich:

PC (Pattern Chart): Enthält die aktuellen Reaktionsmuster im PDF Format, ideal für den Ausdruck.

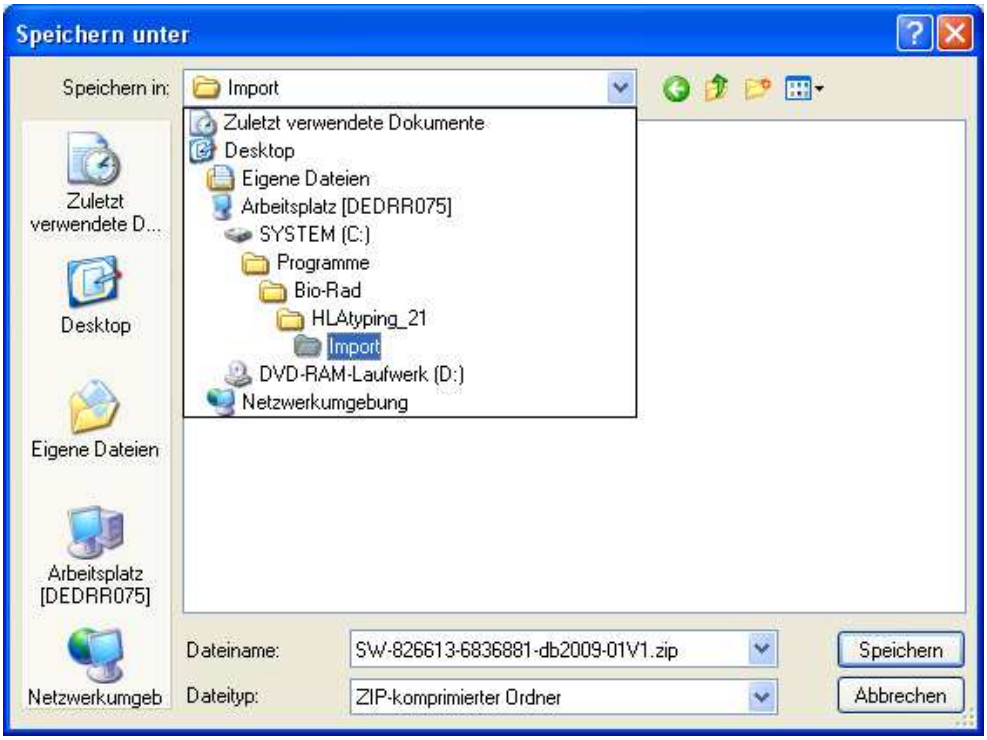
Software: Am Dateinamen erkennt man, welche Alleldatenbank mit welcher Variante des Reaktionsschemas der Charge zugrunde liegt. "DB2007-10V1" bedeutet: Datenbank von Oktober 2007, Reaktionsschema Version 1.

Je nach Sicherheitseinstellung Ihres Browsers erscheint ein Sicherheitshinweis. Diesen bestätigen Sie mit <OK>.

Durch Anklicken von <Speichern> im nächsten Bildschirm können Sie nun die Datei auf Ihrem Rechner abspeichern:

Dateidownload
Möchten Sie diese Datei öffnen oder speichern?
Name: SW-826613-6836881-db2009-01V1.zip
Typ: ZIP-komprimierter Ordner, 46,5 KB
Von: secure.biotest.de
Öffnen
Speichern
Abbrechen
Vor dem Öffnen dieses Dateityps immer bestätigen
Dateien aus dem Internet können nützlich sein, aber manche Dateien können eventuell auf dem Computer Schaden anrichten. Öffnen oder speichern Sie diese Datei nicht, falls Sie der Quelle nicht vertrauen. Welches Risiko besteht?

Als Nächstes können Sie aussuchen, wohin die Datei gespeichert wird: Auf Diskette oder USB-Stick (=Wechseldatenträger) oder direkt in das Import-Verzeichnis der HLA Typing Software:



Die Datei ist jetzt noch nicht bereit für den Import. Die ZIP-Datei muss erst entpackt werden. Dies geschieht außerhalb der HLA Typing Software mit einem Programm wie zum Beispiel WinZip. Erst die darin enthaltene *.tst-Datei kann importiert werden.

Je nach Testkit ist es erforderlich, eine oder mehrere *.tst-Dateien einzulesen. Die anderen Dateien, die in der ZIP-Datei enthalten sind, werden für die HLA Typing Software nicht benötigt.

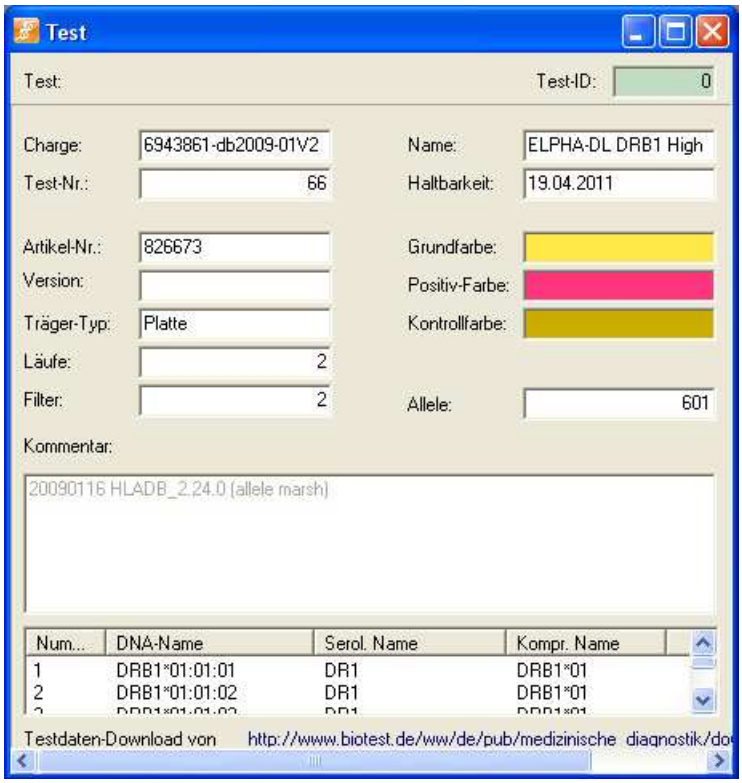
2.4.2 Import der Testchargen

Wählen Sie **Datei - Import - Testcharge aus Datei importieren** oder

Drücken der Taste <F3> oder Icon anklicken

→ Es erscheint der folgende Bildschirm:

Hier können Sie, wenn nötig, den Ort auswählen, an dem die Chargendaten gespeichert sind. Wählen Sie die Charge aus, der eingelesen werden soll. <Öffnen> anklicken, dann erscheint folgender Bildschirm:

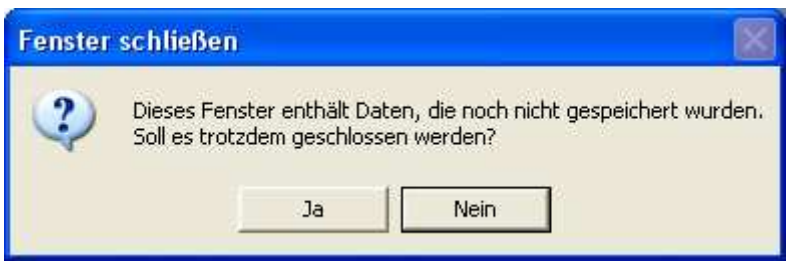


Nach dem Einlesen wird die neue Charge durch Anklicken der -Taste gespeichert.

Hinweis:

Je nach Test kann das Speichern der Chargendaten einige Minuten dauern!

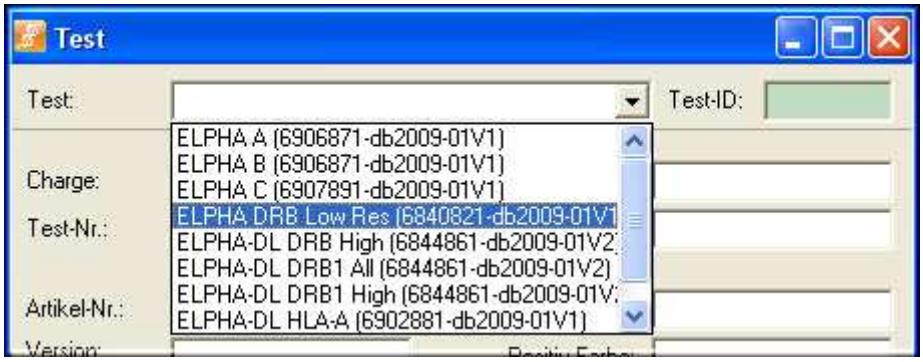
Falls Sie das Speichern vergessen, werden Sie darauf hingewiesen:



Klicken Sie auf <Nein> und speichern Sie Ihre Daten durch Anklicken der -Taste.

Durch erneutes Drücken der -Taste können weitere Testchargen importiert werden.

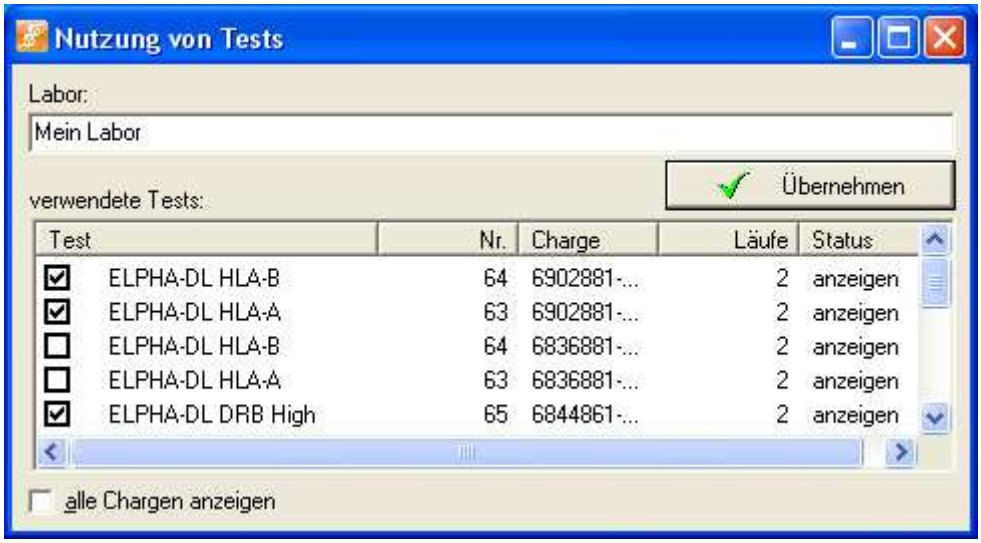
Unter **Datei - Testliste** sehen Sie eine Liste der importierten, aktiv verwendeten Testchargen:



Durch Auswählen eines Eintrages können sich die zugehörigen Allelelisten anschauen.

2.5 Aktivieren der Testchargen

Bevor Sie mit neu importierten Chargen arbeiten können, müssen diese erst aktiviert werden.
Auch beim Start der Software müssen Sie der HLA Typing Software mitteilen, mit welchen Chargen Sie arbeiten wollen. Um Ihnen die Arbeit zu erleichtern, werden beim Start der Software diejenigen Chargen als aktiv angezeigt, die beim letzten Mal verwendet wurden.
Nach dem Einloggen erscheint folgender Bildschirm:



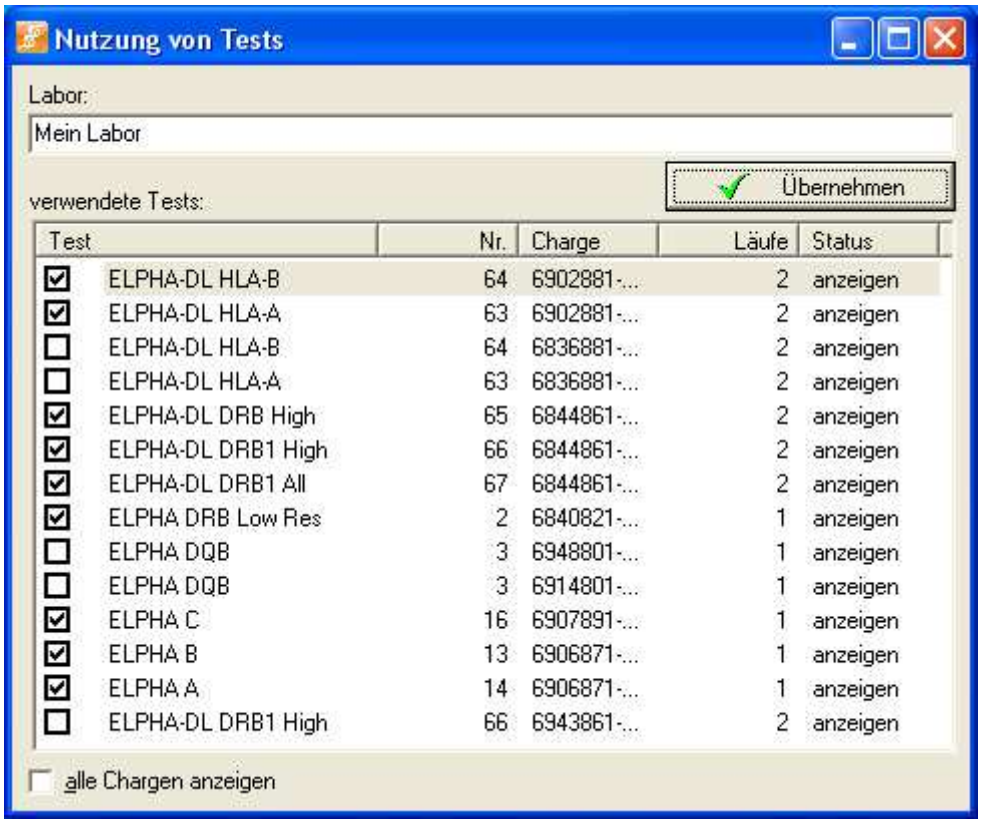
Gegebenenfalls kann jetzt auf eine neue Charge gewechselt werden.

Hinweis:

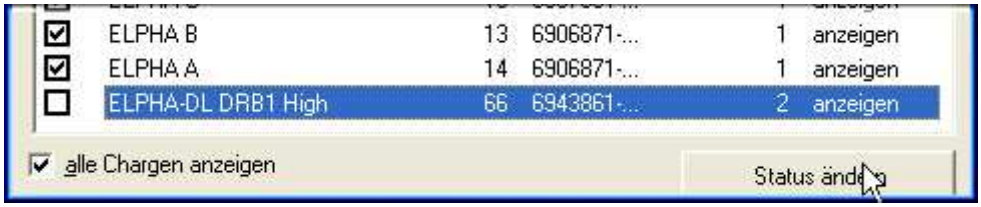
Für jeden Test kann jeweils nur eine Charge aktiv sein.

Eine neue Charge kann auch während der Arbeit aktiviert werden. Das heißt, wenn Sie an einem Tag mit zwei verschiedenen Chargen auswerten, können Sie vor dem Anlegen oder dem Import eines Tests auf eine andere Charge umschalten. Durch Drücken der -Taste oder über den Menüpunkt **Labor-Testchargen aktivieren** gelangen Sie jederzeit in die Chargenverwaltung.

Um selbst bei langen Chargenlisten eine optimale Übersichtlichkeit zu gewährleisten, haben Sie die Möglichkeit, nicht mehr verwendete Chargen aus der Ansicht auszublenden:


Nutzung von Tests
Labor:
Mein Labor
verwendete Tests:
Übernehmen
Test
Nr.
Charge
Läufe
Status
ELPHA-DL HLA-B 64 6902881-... 2 anzeigen
ELPHA-DL HLA-A 63 6902881-... 2 anzeigen
ELPHA-DL HLA-B 64 6836881-... 2 anzeigen
ELPHA-DL HLA-A 63 6836881-... 2 anzeigen
ELPHA-DL DRB High 65 6844861-... 2 anzeigen
ELPHA-DL DRB1 High 66 6844861-... 2 anzeigen
ELPHA-DL DRB1 All 67 6844861-... 2 anzeigen
ELPHA DRB Low Res 2 6840821-... 1 anzeigen
ELPHA DQB 3 6948801-... 1 anzeigen
ELPHA DQB 3 6914801-... 1 anzeigen
ELPHA C 16 6907891-... 1 anzeigen
ELPHA B 13 6906871-... 1 anzeigen
ELPHA A 14 6906871-... 1 anzeigen
ELPHA-DL DRB1 High 66 6943861-... 2 anzeigen
alle Chargen anzeigen

- Dazu erst das Häkchen bei "alle Chargen anzeigen" setzen
  → Es erscheint ein neuer Button <Status ändern>.
- Die Charge, die man nicht mehr benötigt, mit der Maus markieren und <Status ändern> anklicken
  → Der Status ändert von "anzeigen" nach "ausgeblendet":


ELPHA B 13 6906871-... 1 anzeigen
ELPHA A 14 6906871-... 1 anzeigen
ELPHA-DL DRB1 High 66 6943861-... 2 anzeigen
alle Chargen anzeigen
Status ände

- Dies wird für jede Charge wiederholt, die nicht mehr benötigt wird.

> ***Hinweis:***
>
> Die Chargen werden dadurch nicht gelöscht.

- Nachdem der Status für alle Chargen gesetzt ist, das Häkchen bei "alle Chargen anzeigen" entfernen
  → Der Bildschirm ist nun viel übersichtlicher

So können Sie eine ausgeblendete Charge nochmals verwenden:

- "Alle Chargen anzeigen" aktivieren
- Status der Charge über <Status ändern> auf "anzeigen" setzen
- Charge aktivieren
- Um die Liste zu verkürzen, "alle Chargen anzeigen" deaktivieren

2.6 Träger definieren

Bevor Sie die ersten Platten auswerten können, müssen Sie der Software mitteilen, welche Tests sich in welcher Anordnung auf ihrer Mikrotiterplatte befinden. Die so festgelegte Anordnung speichern Sie unter einem bestimmten Trägernamen ab. Eine solche Plattenkonfiguration wird einmal hinterlegt und kann dann beim manuellen Anlegen eines Tests der Mikrotiterplatte zugeordnet werden, die Sie messen wollen.

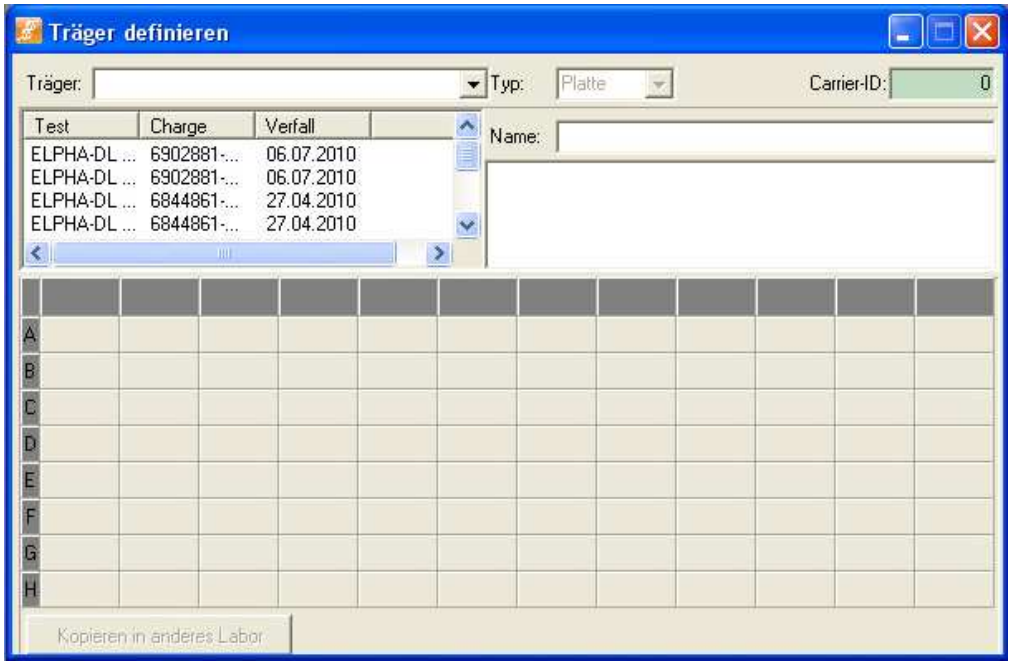
Wenn Sie mit einem Automaten erstellte Daten einspielen, erfolgt die Zuordnung des Trägers automatisch. Die Träger für den Import von Automatendaten müssen vor dem ersten Importieren einer bestimmten Plattenkonfiguration einmalig manuell angelegt werden. In diesem Fall ist es wichtig, dass die Plattenkonfigurationen in den Pipettierer-Einstellungen (siehe Anhang) und die Konfiguration des an dieser Stelle definierten Trägers übereinstimmen. Auch die Bezeichnung des Trägers muss in beiden Dialogen identisch sein.

Hinweis:

Nach der Standard-Installation finden Sie im Labor Standard alle gängigen Träger, die zum Arbeiten mit dem Quickstep benötigt werden, und im Labor My Lab die Träger für die Arbeit mit dem Tecan RMP.

Wenn Ihre individuelle Testanordnung fehlt, definieren Sie die Träger wie folgt:

Sie wählen entweder **Labor - Träger definieren** oder klicken direkt auf
→ Es erscheint die folgende Eingabemaske:



- Als Erstes tragen Sie einen Namen für den neuen Träger in das freie Feld "Name" ein.

  Ohne Pipettierer: Einen möglichst aussagekräftigen Namen wie z.B. "HLA-AB DL 2x"

  Tecan: Der Trägername und die Plattenkonfiguration muss mit dem Namen und der Konfiguration übereinstimmen, die in den Pipettierer-Einstellungen vergeben werden.

  Beim Tecan ist dies stets gemäß Schema >TEC_*Testnr.1_Testnr.2_Testnr.3*... Für "HLA-AB DL 2x" wäre dies also **>TEC_63_64_63_64** , da HLA-A die Testnummer 63 hat und HLA-B die Testnummer 64.

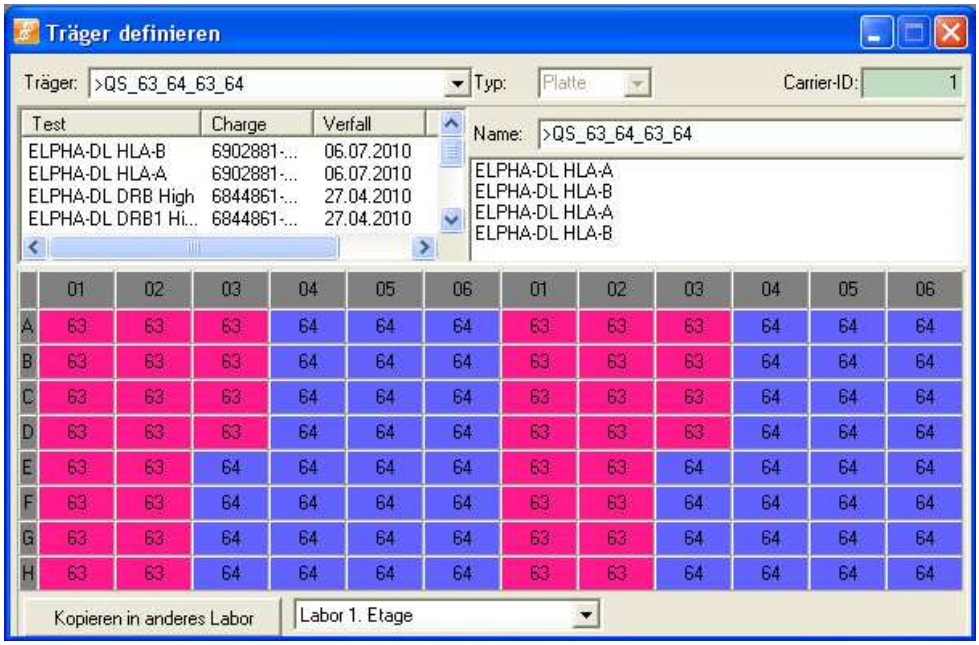
  Quickstep: Der Trägername und die Plattenkonfiguration muss mit dem Namen und der Konfiguration übereinstimmen, die in den Pipettierer-Einstellungen vergeben werden.

  Beim Quickstep ist dies stets gemäß Schema >QS_*Testnr.1_Testnr.2_Testnr.3*... Für "HLA-AB DL 2x" wäre dies also **>QS_63_64_63_64** , da HLA-A die Testnummer 63 hat und HLA-B die Testnummer 64.

- Danach befüllen Sie die Platte mit den Tests. In der Liste links oben sehen Sie die verfügbaren Testchargen, wobei in der Auswahl ausschließlich solche Testchargen erscheinen, die zuvor importiert und auch aktiviert wurden. Durch Doppelklicken werden diese auf der Platte markiert. Gleichzeitig werden die ausgewählten Tests in die Liste oben rechts eingetragen.

Abspeichern nicht vergessen! Oben im Hauptbildschirm drücken.

So sieht es aus, wenn es fertig ist:



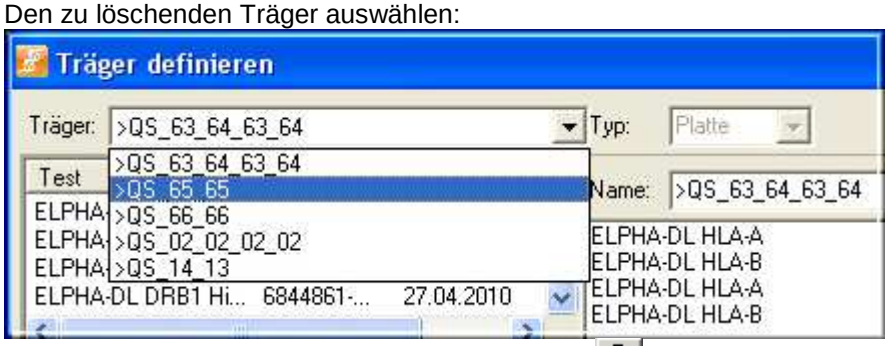
Falls Sie unmittelbar nach dem Abspeichern eines Trägers einen weiteren Träger anlegen wollen, drücken Sie oben im Hauptbildschirm auf (Neu).

Falls Sie den gleichen Träger auch in einem anderen Labor benötigen, braucht er nur einmal erstellt zu werden. Danach kann unterhalb der Mikrotiterplatte das Labor ausgewählt werden, welches den gleichen Träger benötigt. Danach auf <Kopieren in anderes Labor> klicken. Es erfolgt eine Bestätigung, dass der Träger erfolgreich kopiert wurde.

2.7 Träger löschen

Sie haben sich beim Träger definieren vertan? Kein Problem:

anklicken → es erscheint die Eingabemaske.
Den zu löschenden Träger auswählen:



Dann oben im Hauptbildschirm auf den Mülleimer klicken. Gelöscht!

Hinweis:

Ein Träger, der bereits zur Erstellung einer Typisierung verwendet wurde, kann nicht mehr gelöscht werden.

3 Arbeiten mit der Software

3.1 Patienten

Folgende Patientendaten können gespeichert und einer Probe zugeordnet werden:

- Name
- Vorname
- Geburtsdatum
- Geschlecht
- Bemerkungen

Dadurch können patientenbezogene Befunde ausgedruckt werden

3.1.1 Patienten anlegen

Um einen neuen Patienten anzulegen, geht man wie folgt vor:

- Das Menü **Datei - Patientenliste** aufrufen → Die Patientenliste erscheint
- **Neu** → ein neuer Patient kann hinzugefügt werden
- Patientendaten eingeben

Hinweis:

Ab Version 2.0 werden die hier eingetragenen Bemerkungen mit ausgedruckt.

- **Speichern** und **Neu**, um nächsten Patienten anzulegen
- <Schließen> zum Speichern und Beenden

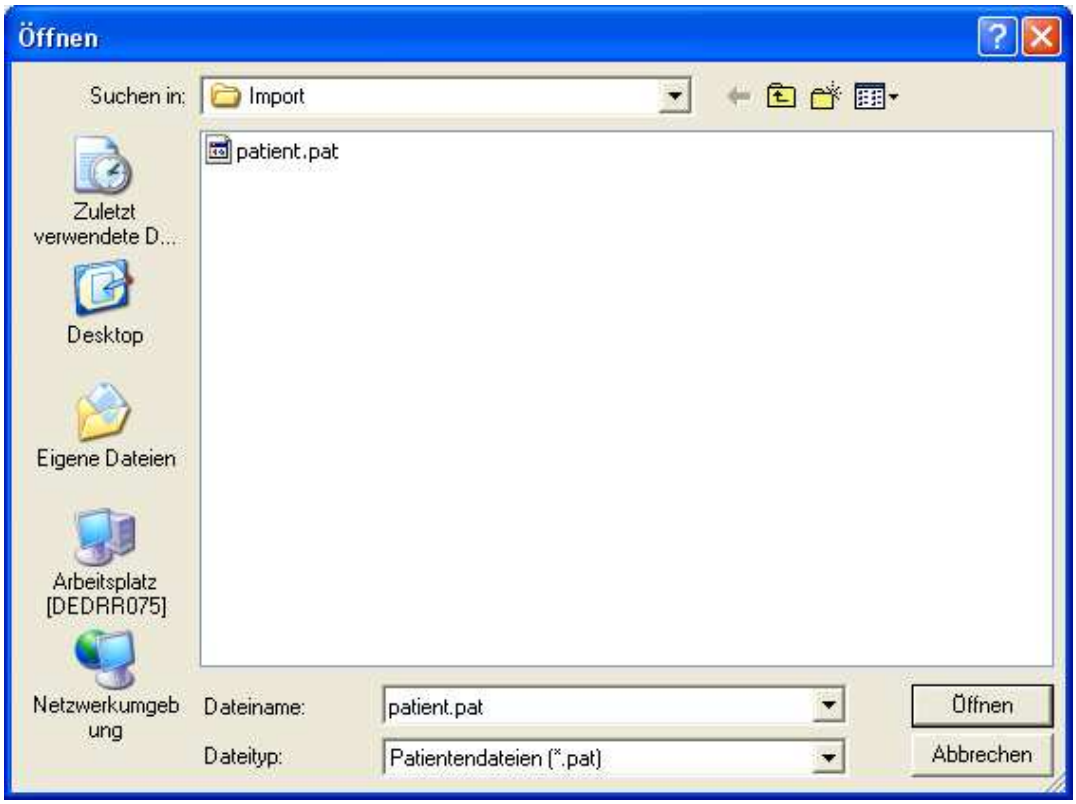
3.1.2 Patienten importieren

Die Patienten können auch von einem LIMS importiert werden.
Diese müssen als Datei "patient.pat" vorliegen.

Vorgehen:

- **Datei - importieren - Patientendaten importieren**

→ Es erscheint folgendes Fenster:



- Datei anklicken und <Öffnen>

  → Die Patienten in der Datei werden eingelesen

- Nach Übernahme der Patienten wird das Übernahmeprotokoll angezeigt:

Protokoll
Fehler
Erfolg
03.08.2006 14:42:05 : Patient Tanner Alf eingelesen
03.08.2006 14:42:05 : Patient Neumann Alfred E eingelesen
03.08.2006 14:42:05 : Patient Neumann Alfred eingelesen
03.08.2006 14:42:05 : Patient Neumann Alfred eingelesen
03.08.2006 11:52:45 : Anmelden Benutzer: NEULAND
Leeren
Schließen

- Mit <Schließen> gelangt man zurück ins Hauptmenü

3.2 Pipettiererdaten importieren

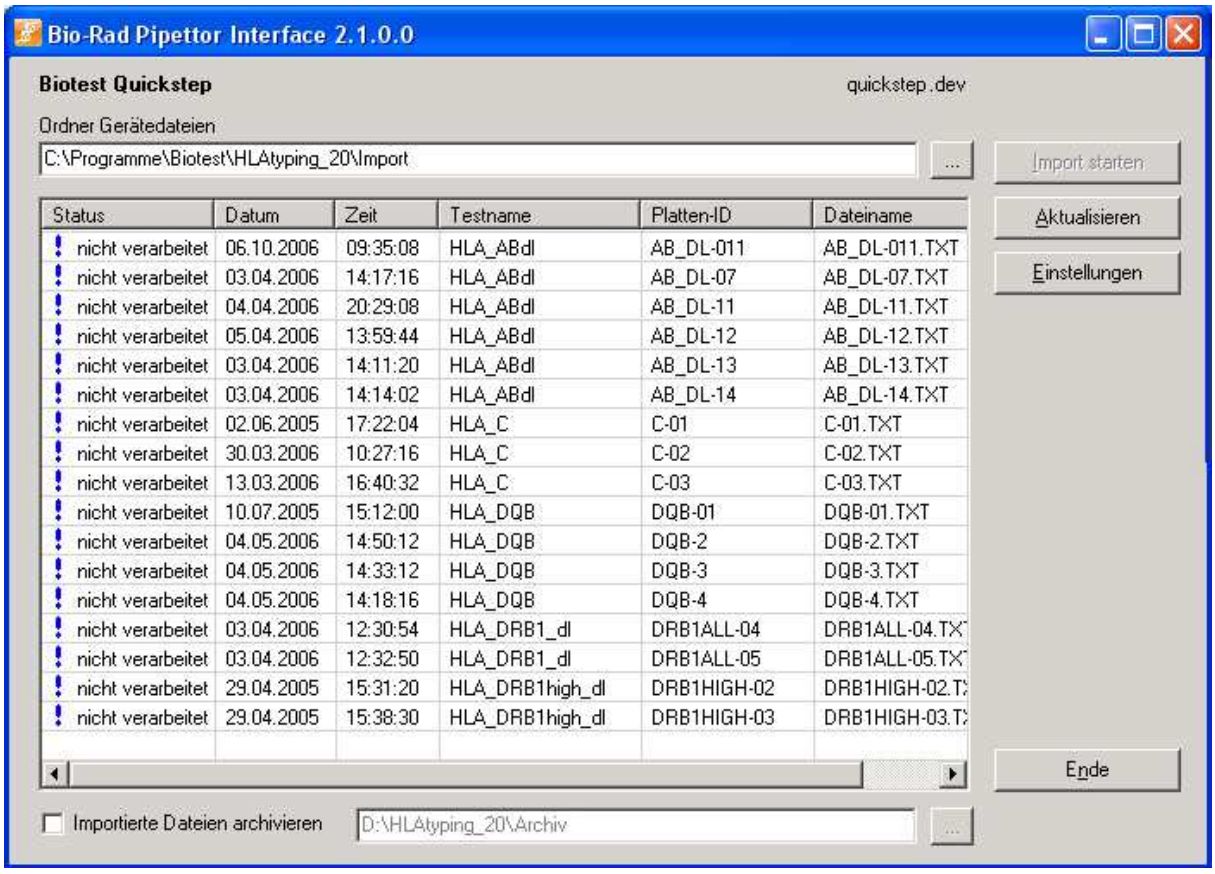
Die HLA Typing Software kann OD-Daten einlesen, die von einem Pipettierer wie Tecan RMP oder Quickstep erzeugt wurden. Dadurch schließt die automatisierte Auswertung nahtlos an die automatisierte Abarbeitung an. Ab Version 2.0 können auch teilweise pipettierte Platten ausgewertet werden.
Die Konfiguration der Pipettierer-Schnittstelle innerhalb der HLA Typing Software wird im Anhang beschrieben. Diese ist jedoch Aufgabe des Bio-Rad Produktspezialisten!

- Aufruf über **Labor - Pipettierer einlesen** oder direkt durch Drücken von
  → Es erscheint eine Liste der Platten, die eingelesen werden können.

Hinweise:

Sollte diese Funktion nicht auswählbar sein, stellen Sie bitte sicher, dass in den Einstellungen des aktiven Labors (siehe Laborverwaltung) der Pipettierer auch aktiviert ist. Wenn nicht, setzen Sie das Häkchen bei "Pipettierer" und starten Sie die Software neu.

Falls die Liste leer ist, obwohl Platten pipettiert wurden, überprüfen Sie bitte folgendes:
- Stimmt der Pfad des Verzeichnisses für die Ausgabedateien des Pipettierers in den Pipettierer-Einstellungen?
- Ist der richtige Pipettierautomat ausgewählt?
- Sind zu Ihrem Test vom Produktspezialisten die entsprechenden Pipettierer Tests angelegt worden (siehe Kapitel 5.2 Pipettierer konfigurieren)?



Status	Datum	Zeit	Testname	Platten-ID	Dateiname
nicht verarbeitet	06.10.2006	09:35:08	HLA_ABdl	AB_DL-011	AB_DL-011.TXT
nicht verarbeitet	03.04.2006	14:17:16	HLA_ABdl	AB_DL-07	AB_DL-07.TXT
nicht verarbeitet	04.04.2006	20:29:08	HLA_ABdl	AB_DL-11	AB_DL-11.TXT
nicht verarbeitet	05.04.2006	13:59:44	HLA_ABdl	AB_DL-12	AB_DL-12.TXT
nicht verarbeitet	03.04.2006	14:11:20	HLA_ABdl	AB_DL-13	AB_DL-13.TXT
nicht verarbeitet	03.04.2006	14:14:02	HLA_ABdl	AB_DL-14	AB_DL-14.TXT
nicht verarbeitet	02.06.2005	17:22:04	HLA_C	C-01	C-01.TXT
nicht verarbeitet	30.03.2006	10:27:16	HLA_C	C-02	C-02.TXT
nicht verarbeitet	13.03.2006	16:40:32	HLA_C	C-03	C-03.TXT
nicht verarbeitet	10.07.2005	15:12:00	HLA_DQB	DQB-01	DQB-01.TXT
nicht verarbeitet	04.05.2006	14:50:12	HLA_DQB	DQB-2	DQB-2.TXT
nicht verarbeitet	04.05.2006	14:33:12	HLA_DQB	DQB-3	DQB-3.TXT
nicht verarbeitet	04.05.2006	14:18:16	HLA_DQB	DQB-4	DQB-4.TXT
nicht verarbeitet	03.04.2006	12:30:54	HLA_DRB1_dl	DRB1ALL-04	DRB1ALL-04.TX
nicht verarbeitet	03.04.2006	12:32:50	HLA_DRB1_dl	DRB1ALL-05	DRB1ALL-05.TX
nicht verarbeitet	29.04.2005	15:31:20	HLA_DRB1high_dl	DRB1HIGH-02	DRB1HIGH-02.T
nicht verarbeitet	29.04.2005	15:38:30	HLA_DRB1high_dl	DRB1HIGH-03	DRB1HIGH-03.T

- Mit der Maus eine Platte markieren oder
  Mit gedrückter Hochstelltaste bzw. der Steuerungstaste und der Maus mehrere Platten markieren

- <Import starten> drücken
  → Nach dem Import werden die importierten Platten mit einem grünen Häkchen markiert, der Status lautet "verarbeitet", zudem ist der Dateiname verändert. So wird sichergestellt, dass die Platte beim nächsten Import nicht nochmals eingelesen wird.

Nach dem Import wird das Import-Protokoll angezeigt:

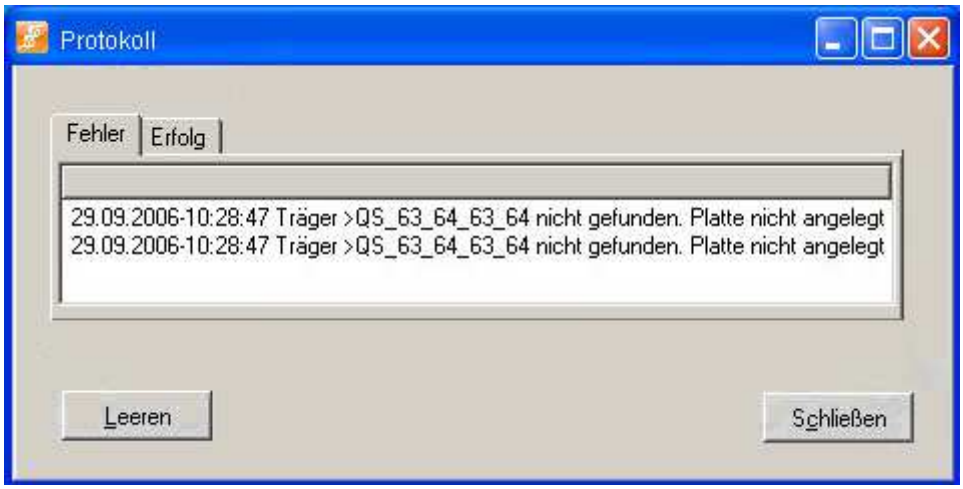
Falls eine Platte nicht importiert werden konnte, wird der Grund dafür im Tabellenblatt <Fehler> des Protokolls angezeigt. Das Protokoll kann jederzeit auch über den Menüpunkt **Hilfe - Protokoll Pipettierer** aufgerufen werden.
Die erfolgreich importierten Platten können nun mittels Batchtypisierung ausgewertet werden.

Importierte Dateien archivieren

Häkchen setzen, um die Option zu aktivieren. Dann kann ein Pfad zu einem Ordner eingetragen oder ausgewählt werden, in welchem die importierten Dateien archiviert werden sollen.
Alle importierten Platten werden in das Archiv verschoben. Sie werden in der Liste nicht mehr angezeigt. Dadurch bleibt die Liste übersichtlich.

3.3 Import rückgängig machen

Der Import ist fehlgeschlagen, zum Beispiel weil ein Träger noch nicht angelegt war?

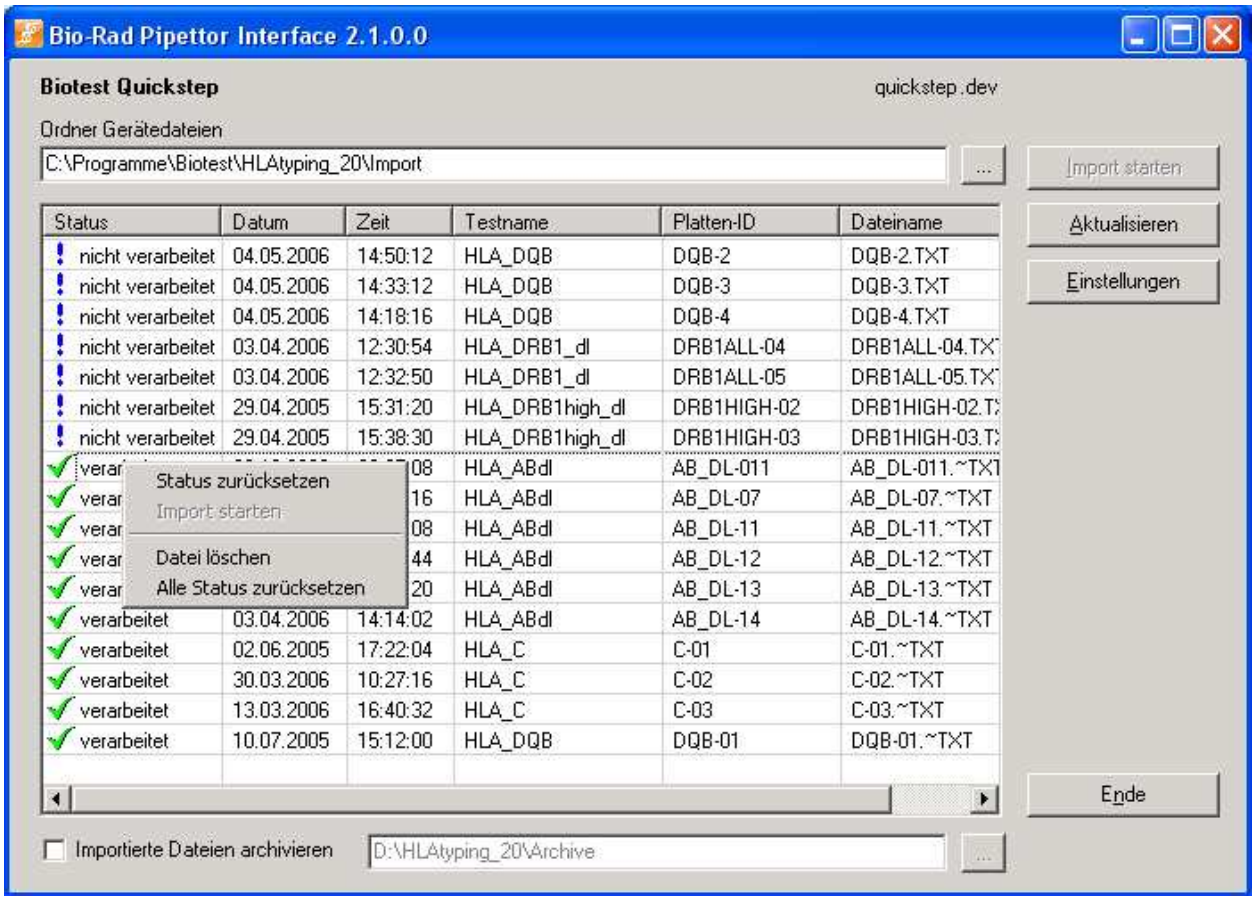


Kein Problem, der Import kann jederzeit wiederholt werden.

- Erst die Ursache des missglückten Imports beheben (z.B. Träger definieren)
- aufrufen
- Falls die Option "Importierte Dateien archivieren" nicht aktiv ist: Aus der Liste der importierten Daten die Platte markieren, die nochmals importiert werden soll.
- Falls die Option "Importierte Dateien archivieren" aktiviert ist: die gewünschte Plattendatei aus dem Archivordner in den "Ordner Gerätedateien" zurückkopieren.
- Rechte Maustaste - Status zurücksetzen

→ Die markierte Platte wird auf "nicht verarbeitet" gesetzt, erkennbar an dem blauen ! und dem wiederhergestellten Dateinamen.

- Sollen alle bereits importierten Platten nochmals importiert werden, wählen Sie die Option **Alle Status zurücksetzen** des Kontextmenüs.

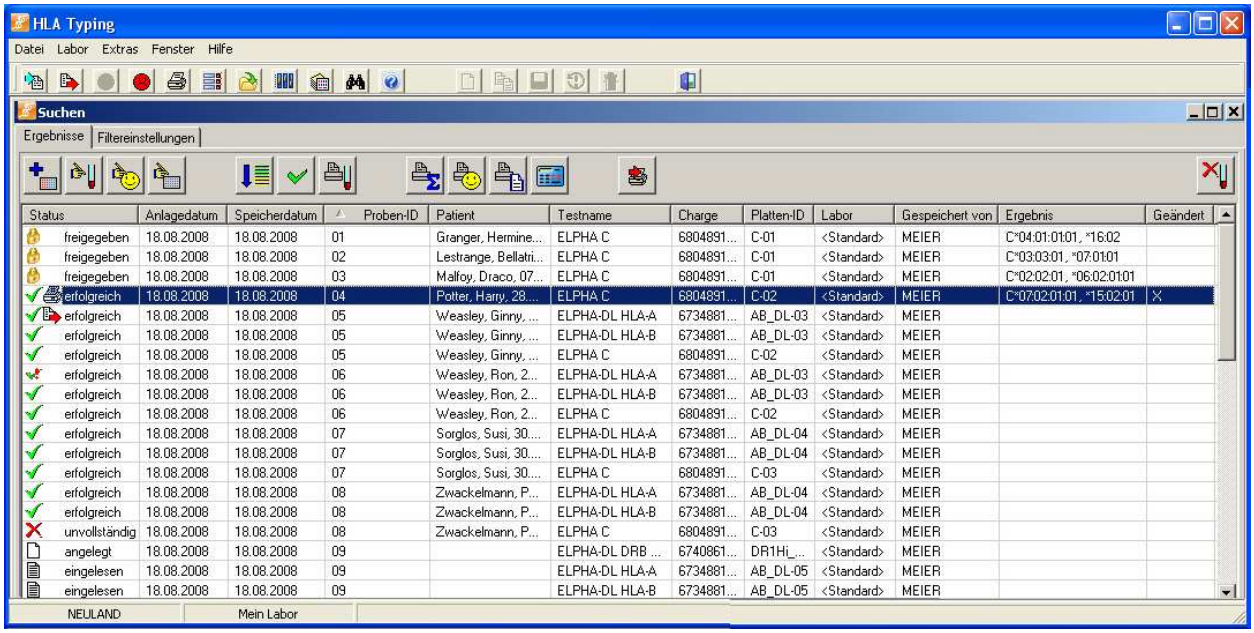


- Die Platte kann nun erneut importiert werden

4 Suchen

4.1 Suchen-Hauptfenster

Dies ist Ihr Haupt-Arbeitsbereich. Im **Suchen**-Fenster werden die Proben gehandhabt. Vom Anlegen über die Auswertung bis zum Befunddruck werden alle Arbeiten im **Suchen**-Fenster durchgeführt!



Erläuterungen zu den einzelnen Bildschirmelementen

Buttons im Hauptmenu links: werden im **Suchen**-Fenster nicht verwendet

Buttons im Hauptmenu rechts **:** Sind anwählbar, wenn es sinnvoll ist

Ergebnisse:

Proben-Datenbank. Hier werden die Proben gemäß Filtereinstellung angezeigt. Proben können ausgewählt und bearbeitet werden. Der Doppelklick auf einen Eintrag öffnet die zur Bearbeitung der Probe als Nächstes anstehende Funktion (bei einer Probe mit Status "angelegt" erscheint das Fenster "Reaktionen eingeben").

Spaltentitel:

Durch Klicken auf die Spaltentitel wird die Liste im Suchen-Dialog nach der jeweiligen Spalte sortiert

Filtereinstellungen:

In den Filtereinstellungen wird festgelegt, welche Ergebnisse angezeigt werden

Buttons

Test anlegen:
Neuen Test erfassen: Plattenbelegung, Probennummern etc.

Proben-ID ändern:
So lange eine Probe nicht freigegeben ist, kann ihre Proben-ID geändert werden

Patient zuordnen:
Einer noch nicht freigegebenen Probe kann ein Patient zugeordnet werden

Reaktionen eingeben: Status angelegt
Erfassen der Reaktionen manuell oder mit Reader

Batchtypisierung: Status eingelesen
Typisierung von mehreren Proben in einem Durchgang
Der Verlauf der Typisierung wird danach angezeigt:

erfolgreiche Typisierung

erfolgreiche Typisierung. Bei der Laborvorgabe "nur häufige Allele" wurde auf "alle Allele" umgeschaltet, um ein Ergebnis zu finden.

Typisierung ist fehlgeschlagen: Typisierungsparameter und Reaktionen müssen überprüft werden.

manuelle Typisierung: Status eingelesen
Typisieren einer einzelnen Probe

Probenbefund drucken:
Befund für die selektierte Probe drucken

Summenbefund drucken:
Alle Testergebnisse für diese Probennummer drucken

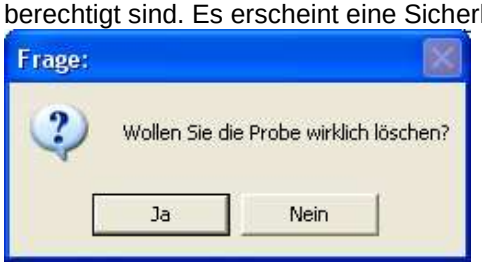
Patientenbefund drucken:
Alle Testergebnisse für diesen Patienten drucken

Suchliste drucken:
Die im Suchen-Fenster angezeigte Liste wird ausgedruckt. Auf dem Ausdruck wird aufgelistet, mit welchen Filtereinstellungen der Ausdruck erstellt wurde.

Alle Resultate berechnen / NMDP Codes aktualisieren:
Für die ausgewählten Proben werden alle Resultate berechnet.
Nach der Anmeldung von neuen NMDP Codes bei der Behörde können die NMDP Codes aktualisiert werden.
Dies kann einige Zeit in Anspruch nehmen. In dieser Zeit kann mit der Software nicht weiter gearbeitet werden.

Ergebnis exportieren:
Export der Probe z.B. nach Excel.
Falls gewünscht, kann zusätzlich zum Labor-Standardprofil eine XML-Datei ausgegeben werden, die von Helmberg Score importiert werden kann. Beachten Sie hierzu die Standardeinstellungen für die Ausgabeprofile in der Laborverwaltung und die Optionen für die XML-Datei im Menü **Datei - Export**.

Probe löschen: Dieser Button ist nur zugänglich, wenn Sie zum Löschen von Proben berechtigt sind. Es erscheint eine Sicherheitsabfrage:



Wenn man diese mit <Ja> beantwortet, wird die Probe gelöscht. Die zur Probe gehörenden Einträge auf der Platte werden ebenfalls gelöscht.

Leiste unterhalb Probenliste:

Der derzeit eingeloggte Benutzer sowie das derzeit gültige Laborprofil

4.1.1 Filtereinstellungen

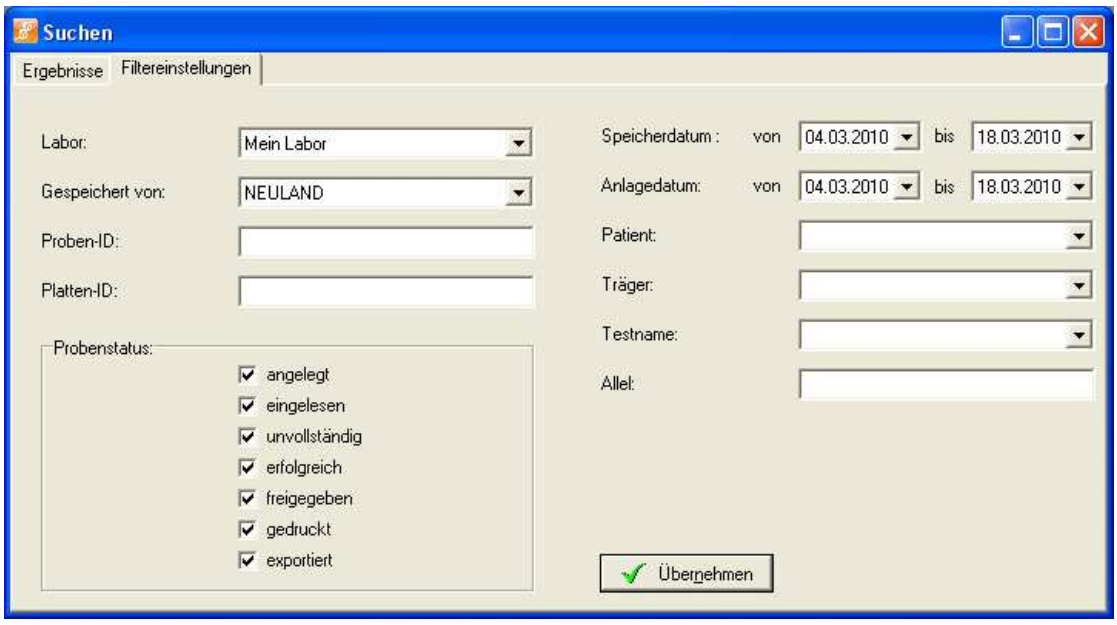
Suchen - Reiter "Filtereinstellungen" anklicken

Ohne Filter würde Ihr Suchen-Fenster sehr bald unübersichtlich. Hier können Sie auswählen, welche Proben angezeigt werden sollen. Zum Beispiel...

- nur Proben von heute
- nur noch nicht typisierte Befunde
- nur die Befunde von Max Mustermann
- nur die DQB-Tests der letzten 5 Tage, die Sie bearbeitet haben
- Suchen nach einer bestimmten Probe oder einer bestimmten Platte
- Suchen nach bestimmten Allelen, wobei das "%"-Zeichen als Platzhalter der genauen Allelbezeichnung vorangestellt werden muss, z.B. %A*23:01

Hinweis:

Bei einer umfangreichen Datenbank kann die Suche nach Allelen einige Zeit in Anspruch nehmen!



4.1.2 Platten manuell anlegen

Wenn die Tests mit einem Reader oder von Auge ausgewertet werden, wird die Platte manuell angelegt. Dies geht in wenigen Schritten:

Suchen - Test anlegen

→ Es erscheint ein Fenster, in welches von oben nach unten alle erforderlichen Daten eingetragen werden:

Träger
Das passende Platten-Layout wird aus der Liste ausgewählt

Platte
Eine einmalige Plattennummer wird durch Druck auf <Generieren> erzeugt oder manuell eingegeben

Proben-ID
Kann hier eingegeben werden

Patient
Kann an dieser Stelle zugeordnet werden. Bei Drücken von <...> erscheint die Patientenliste. Patient auswählen und auf <Übernehmen> klicken. An dem Smiley ist erkennbar, dass dieser Probe ein Patient zugeordnet wurde.

> ***Hinweis:***
>
> Achten Sie immer darauf, dass die eingegebenen Daten (Auswahl des Trägers, Reihenfolge der Proben,...) Ihrer tatsächlichen Testanordung entsprechen!

Speichern nicht vergessen!

Im Suchen-Fenster sind die neu angelegten Proben mit gekennzeichnet.

4.1.3 Patient zuordnen

Patienten können an zwei Stellen zugeordnet werden:

1. Beim manuellen Anlegen des Tests

2. Probe im Suchen-Fenster auswählen, dadurch wird <Patient zuordnen> zugänglich. Beim Anklicken von <Patient zuordnen> erscheint die Patientenliste. In der Titelzeile wird die Platten- und Probennummer angezeigt:

Nun kann ein Patient in der Liste markiert werden. Mit <Übernehmen> gelangt man zurück in das **Suchen**-Menü.

Hinweis:

Patienten können nur dann zugeordnet werden, wenn die Probe noch nicht freigegeben ist!

Ausnahme: Wenn Sie bei der Einrichtung der Software gewählt haben, dass freigegebene Ergebnisse editiert werden können, ist die Zuordnung eines Patienten auch nach der Freigabe möglich.

4.1.4 Reaktionen eingeben

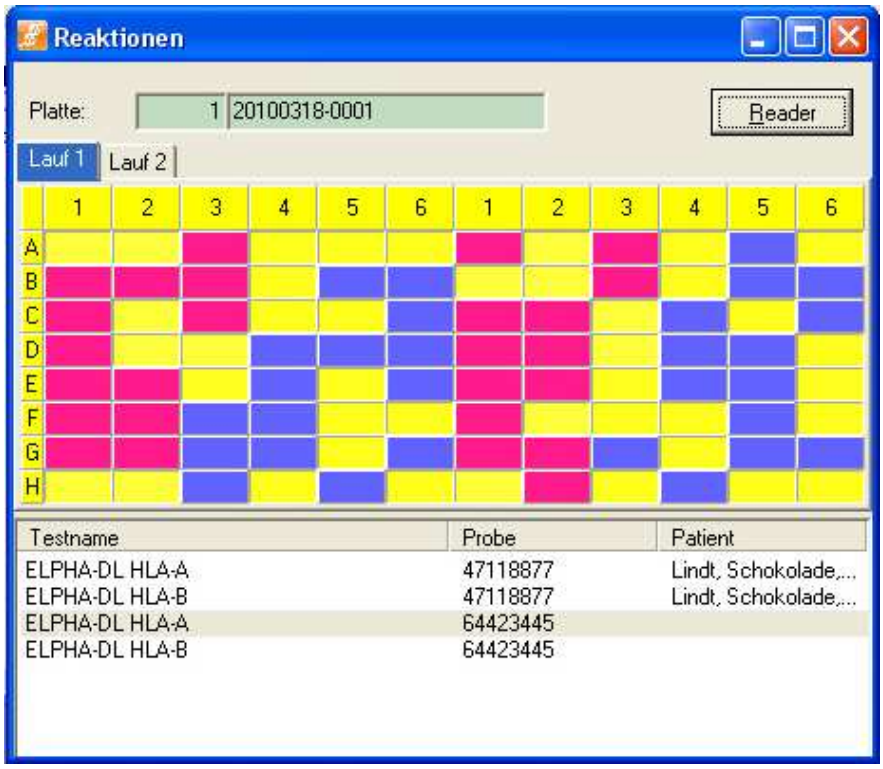
4.1.4.1 Reaktionen manuell eingeben

Suchen - gewünschten Eintrag markieren (Status angelegt)

Reaktionen eingeben

→ Es erscheint ein Eingabefenster, in dem die Platte mit den dazu gehörenden Probennummern gezeigt wird.

Durch einfaches Anklicken mit der Maus werden die positiven Reaktionen markiert:



Am Ende Speichern nicht vergessen!

→ Die Probe wird im **Suchen**-Fenster als eingelesen markiert.

4.1.4.2 Reaktionen mit Reader einlesen

Suchen - gewünschten Eintrag markieren (Status angelegt)

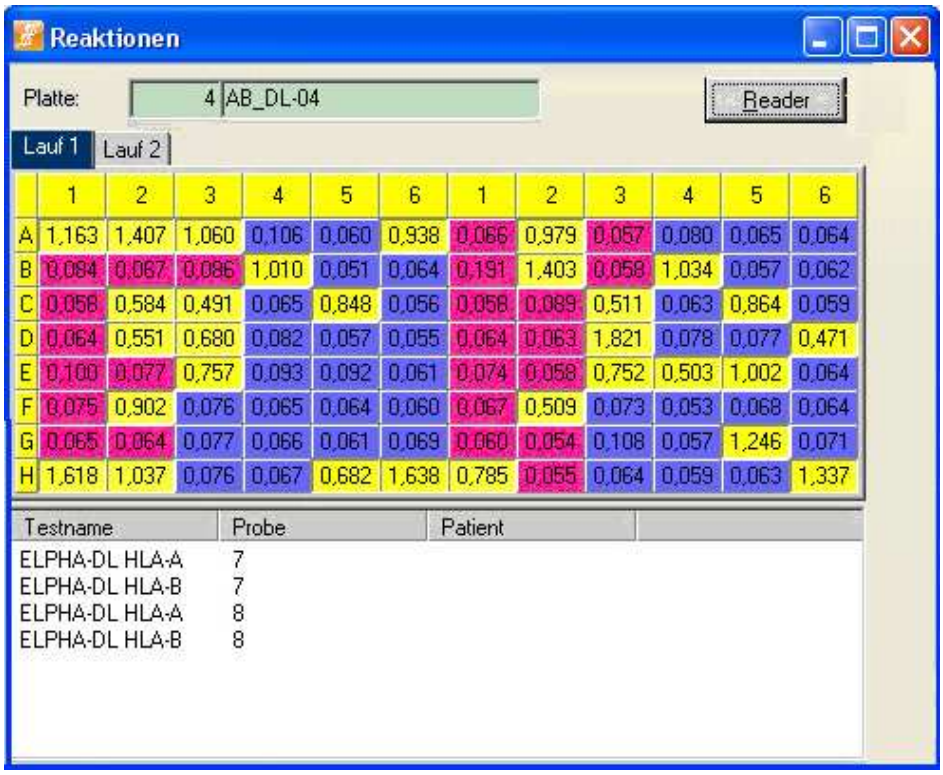
Reaktionen eingeben

→ Es erscheint ein Eingabefenster, in dem die Platte mit den dazu gehörenden Probennummern gezeigt wird.

<Reader> anklicken - es erscheint das Readerfenster

> ***Hinweis:***
>
> Sollten Sie in der Darstellung den Button <Reader> vermissen, müssen Sie in Ihrem aktiven Labor (siehe Laborverwaltung) zunächst noch das Häkchen bei Reader setzen.

<Start> anklicken zum Einlesen der Platte. Die Reaktionen werden angezeigt:



	1	2	3	4	5	6	1	2	3	4	5	6
A	1,163	1,407	1,060	0,106	0,060	0,938	0,066	0,979	0,057	0,080	0,065	0,064
B	0,084	0,067	0,086	1,010	0,051	0,064	0,191	1,403	0,059	1,034	0,057	0,062
C	0,058	0,584	0,491	0,065	0,848	0,056	0,058	0,089	0,511	0,063	0,864	0,059
D	0,064	0,551	0,680	0,082	0,057	0,055	0,064	0,063	1,821	0,078	0,077	0,471
E	0,100	0,077	0,757	0,093	0,092	0,061	0,074	0,058	0,752	0,503	1,002	0,064
F	0,075	0,902	0,076	0,065	0,064	0,060	0,067	0,509	0,073	0,053	0,068	0,064
G	0,065	0,064	0,077	0,066	0,061	0,069	0,060	0,054	0,108	0,057	1,246	0,071
H	1,618	1,037	0,076	0,067	0,682	1,638	0,785	0,055	0,064	0,059	0,063	1,337

Hinweis:

Sollten Sie die Meldung
“Reader-Kommunikationsproblem”
erhalten, kontrollieren Sie
- dass der Reader eingeschaltet
- der Reader mit dem PC verbunden
- der korrekte Reader-Treiber ausgewählt ist.

Sollte das Problem weiterhin auftreten, liegt vermutlich ein Fehler in den Readereinstellungen der Software vor, bitte wenden Sie sich hierzu an den Bio-Rad Produktspezialisten.

Am Ende Speichern nicht vergessen!
Die Probe wird im **Suchen**-Fenster als eingelesen markiert.

Hinweise:

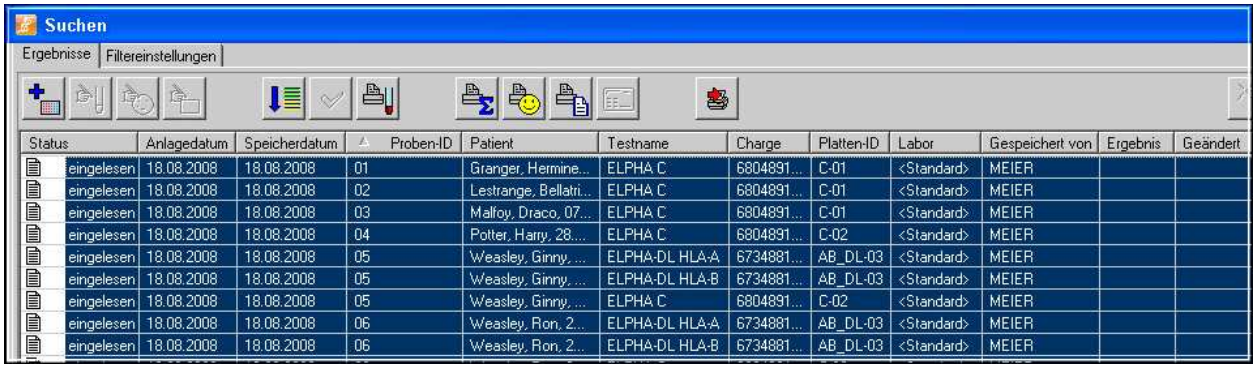
Sollten Sie versehentlich eine Platte falsch eingelesen haben, ist es möglich, nach einer Warnabfrage die Platte erneut einzulesen.

Vor der allerersten Plattenlesung mit dem Reader sollten Sie von Ihrem Bio-Rad Produktspezialisten die korrekten Parameter für Ihren Reader einstellen lassen (siehe Anhang - Reader konfigurieren).

4.1.5 Batchtypisierung

Suchen - mehrere Proben mit Status eingelesen über Steuerungstaste+linke Maustaste oder Hochstelltaste+und linke Maustaste markieren

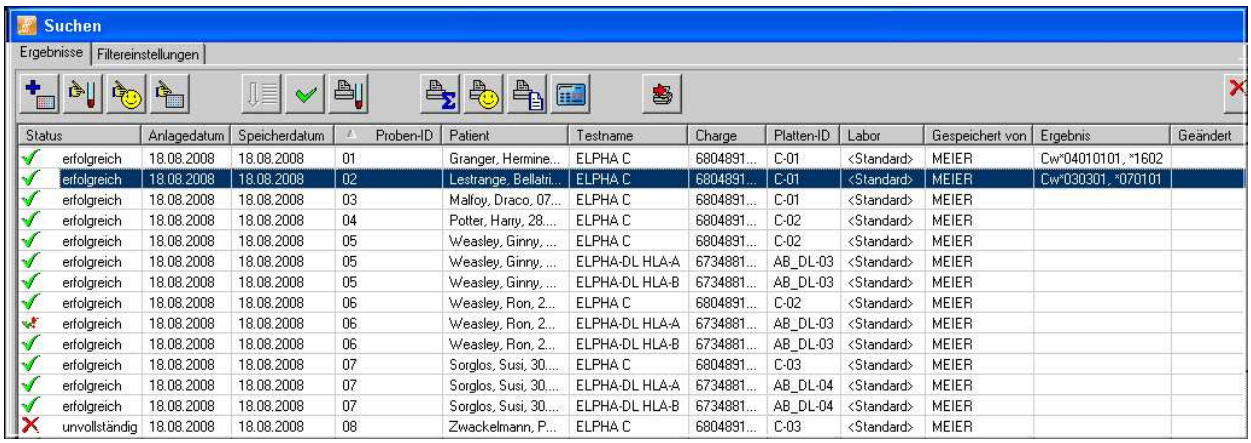
Batchtypisierung anklicken



Status	Anlagedatum	Speicherdatum	Proben-ID	Patient	Testname	Charge	Platten-ID	Labor	Gespeichert von	Ergebnis	Geändert
eingelesen	18.08.2008	18.08.2008	01	Granger, Hermine...	ELPHA C	6804891...	C-01	<Standard>	MEIER		
eingelesen	18.08.2008	18.08.2008	02	Lestrange, Bellatri...	ELPHA C	6804891...	C-01	<Standard>	MEIER		
eingelesen	18.08.2008	18.08.2008	03	Malfoy, Draco, 07...	ELPHA C	6804891...	C-01	<Standard>	MEIER		
eingelesen	18.08.2008	18.08.2008	04	Potter, Harry, 28....	ELPHA C	6804891...	C-02	<Standard>	MEIER		
eingelesen	18.08.2008	18.08.2008	05	Weasley, Ginny, ...	ELPHA-DL HLA-A	6734881...	AB_DL-03	<Standard>	MEIER		
eingelesen	18.08.2008	18.08.2008	05	Weasley, Ginny, ...	ELPHA-DL HLA-B	6734881...	AB_DL-03	<Standard>	MEIER		
eingelesen	18.08.2008	18.08.2008	05	Weasley, Ginny, ...	ELPHA C	6804891...	C-02	<Standard>	MEIER		
eingelesen	18.08.2008	18.08.2008	06	Weasley, Ron, 2...	ELPHA-DL HLA-A	6734881...	AB_DL-03	<Standard>	MEIER		
eingelesen	18.08.2008	18.08.2008	06	Weasley, Ron, 2...	ELPHA-DL HLA-B	6734881...	AB_DL-03	<Standard>	MEIER		

Die ausgewählten Proben werden typisiert. Der Fortschritt wird angezeigt.

- Der Probenstatus wird auf "erfolgreich" gesetzt, wenn für die Probe ein Ergebnis bestimmt wurde.
- zeigt auch eine erfolgreiche Typisierung an. Bei der Laborvorgabe "nur häufige Allele" wurde auf "alle Allele" umgeschaltet, um ein Ergebnis zu finden.
- War keine Typisierung möglich, ist der Status "unvollständig":



Status	Anlagedatum	Speicherdatum	Proben-ID	Patient	Testname	Charge	Platten-ID	Labor	Gespeichert von	Ergebnis	Geändert
erfolgreich	18.08.2008	18.08.2008	01	Granger, Hermine...	ELPHA C	6804891...	C-01	<Standard>	MEIER	Cw*04010101, *1602	
erfolgreich	18.08.2008	18.08.2008	02	Lestrange, Bellatri...	ELPHA C	6804891...	C-01	<Standard>	MEIER	Cw*030301, *070101	
erfolgreich	18.08.2008	18.08.2008	03	Malfoy, Draco, 07...	ELPHA C	6804891...	C-01	<Standard>	MEIER		
erfolgreich	18.08.2008	18.08.2008	04	Potter, Harry, 28....	ELPHA C	6804891...	C-02	<Standard>	MEIER		
erfolgreich	18.08.2008	18.08.2008	05	Weasley, Ginny, ...	ELPHA C	6804891...	C-02	<Standard>	MEIER		
erfolgreich	18.08.2008	18.08.2008	05	Weasley, Ginny, ...	ELPHA-DL HLA-A	6734881...	AB_DL-03	<Standard>	MEIER		
erfolgreich	18.08.2008	18.08.2008	05	Weasley, Ginny, ...	ELPHA-DL HLA-B	6734881...	AB_DL-03	<Standard>	MEIER		
erfolgreich	18.08.2008	18.08.2008	06	Weasley, Ron, 2...	ELPHA C	6804891...	C-02	<Standard>	MEIER		
erfolgreich	18.08.2008	18.08.2008	06	Weasley, Ron, 2...	ELPHA-DL HLA-A	6734881...	AB_DL-03	<Standard>	MEIER		
erfolgreich	18.08.2008	18.08.2008	06	Weasley, Ron, 2...	ELPHA-DL HLA-B	6734881...	AB_DL-03	<Standard>	MEIER		
erfolgreich	18.08.2008	18.08.2008	07	Sorglos, Susi, 30....	ELPHA C	6804891...	C-03	<Standard>	MEIER		
erfolgreich	18.08.2008	18.08.2008	07	Sorglos, Susi, 30....	ELPHA-DL HLA-A	6734881...	AB_DL-04	<Standard>	MEIER		
erfolgreich	18.08.2008	18.08.2008	07	Sorglos, Susi, 30....	ELPHA-DL HLA-B	6734881...	AB_DL-04	<Standard>	MEIER		
unvollständig	18.08.2008	18.08.2008	08	Zwackelmann, P...	ELPHA C	6804891...	C-03	<Standard>	MEIER		

Hinweise:

Um eindeutige Ergebnisse zu erzeugen, arbeitet die Batchtypisierung stets mit der Einstellung "0 Fehler".

Ist in der Laborverwaltung der automatische Cutoff als Standardeinstellung gewählt, wird dieser in der Batchtypisierung nur verwendet, wenn die Software ohne Verschieben des Cutoffs kein Ergebnis ermitteln konnte.

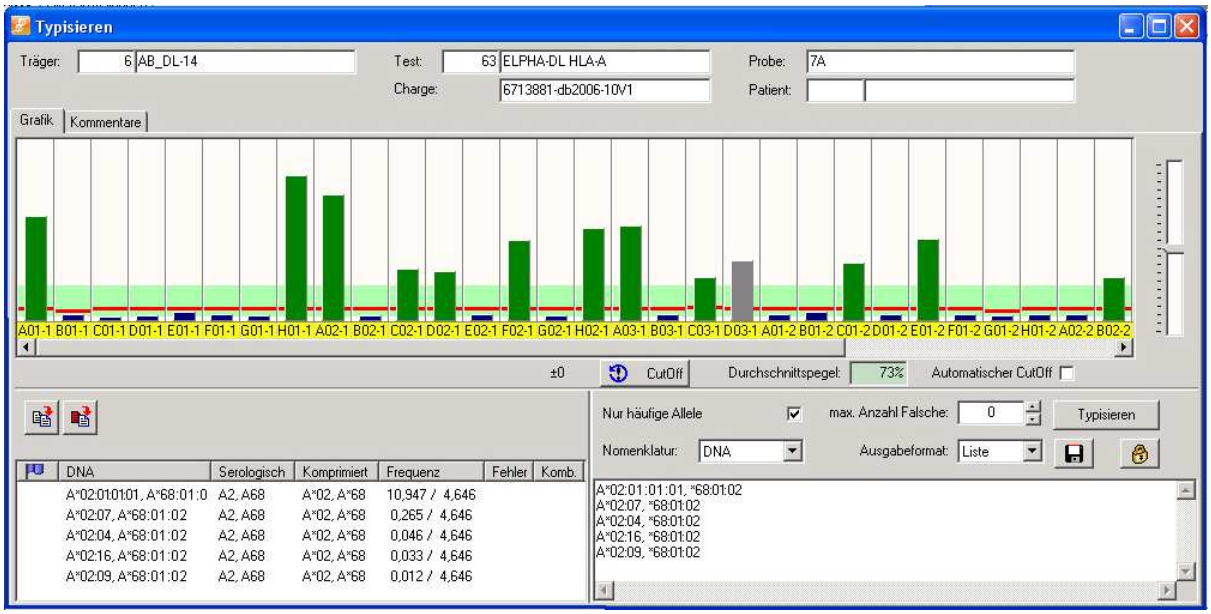
Die Proben werden lediglich typisiert, nicht freigegeben. Jede Probe muss einzeln im Typisierungsdialog angeschaut und freigegeben werden!

Die Software arbeitet bei der Batchtypisierung mit den Laboreinstellungen, welche Sie zum Zeitpunkt des Imports Ihrer Daten vom Reader oder Pipettierer gewählt haben.

4.1.6 Typisierungsdialog

Suchen - noch nicht freigegebene Probe wählen - Typisierung

Im Typisierungsfenster werden nicht nur die ermittelten Werte angezeigt. Es gibt hier zusätzliche Möglichkeiten, ein Ergebnis zu bearbeiten.



4.1.6.1 Typisieren

Wenn die Cutoffs sowie die Typisierungsoptionen wunschgemäß eingerichtet sind, wird durch Anklicken von <Typisieren> die Typisierung gestartet.
Falls kein Ergebnis oder nicht das optimale Ergebnis erscheint, können die Einstellungen verändert werden. Danach kann erneut typisiert werden. Erst durch Drücken von <Freigabe> wird das Ergebnis freigegeben.

Hinweis:

Unbekannte Reaktionsmuster müssen nicht zwangsläufig auf fehlerhafte PCR-Reaktionen zurückzuführen sein, es kann sich auch um eine Kontamination, Handlingsfehler bei der Testabarbeitung oder um das Vorliegen eines neuen Allels handeln. Gegebenenfalls ist der Test zu wiederholen.

In der Liste der Typisierungsergebnisse sind neben den Allelbezeichnungen, den serologischen Äquivalenten und den Allelgruppen Zahlen für die "Frequenzen" der Allele in Prozent angegeben. Die eingestellten Werte beziehen sich auf die Häufigkeit, mit der Allele in Studien typisiert wurden. Aktualisierte Daten werden im Abstand von 2-3 Jahren im "HLA Dictionary" publiziert. Wenngleich die Studie nicht auf eine exakte Bestimmung der Allelfrequenzen ausgerichtet ist, geben die Zahlen einen Hinweis auf die Häufigkeit einer Kombination.

Hinweis:

Wenn Sie das Ergebnis nicht freigeben, muss dieses vor Verlassen der Typisierung gespeichert werden !

4.1.6.2 Probendaten

Es werden folgende Daten angezeigt:

- Träger (Plattennummer)
- Test-ID und Testname
- Probennummer
- Chargennummer
- Name und Vorname des Patienten (falls vorhanden)

4.1.6.3 Grafik und Cutoffs

Grafik

Jeder OD-Wert wird als Balken angezeigt, die Balkenhöhe entspricht dabei der Reaktionsstärke. Die Balken können verschiedene Farben haben:

Kontrolle: grau
positiver Balken: grün
negativer Balken: dunkelblau
falsch pos./neg.: rot
Sonde mit schwacher Aktivität auf allen Allelen (weak): gelb

Sonde mit unbekannter, nicht bewerteter Reaktion (unbestimmt): violett

Der erlaubte Bereich für den Cutoff wird hellgrün angezeigt, der Cutoff selber als rote Linie.

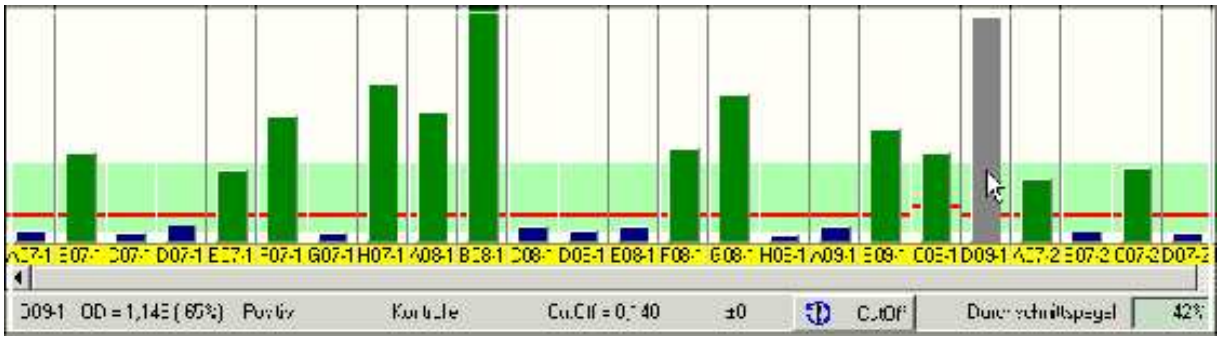
Bei manueller Erfassung der Resultate werden die positiven Reaktionen mit dem maximalen OD-Wert angezeigt, die negativen Reaktionen mit einem OD-Wert nahe 0.

Wenn Sie eine Reaktion von positiv nach negativ oder von negativ nach positiv ändern wollen, können Sie den Balken der entsprechenden Sonde mit der **rechten Maustaste** anklicken und "Als falsch anwählen" auswählen. Der Balken wird rot. Bei der Typisierung wird diese Reaktion nun so gewertet, wie Sie sie markiert haben, und nicht mehr gemäß ihrem OD-Wert.

Auf gleichem Wege kann eine Änderung auch wieder rückgängig gemacht werden.

Die Änderungen werden nicht nur farblich markiert, sondern auch im Systemkommentar festgehalten.

Wenn Sie eine einzelne Sonde anklicken, werden unter dem Balkendiagramm Informationen zu dieser Sonde angezeigt:



D09-1	Position der Sonde auf der Mikrotiterplatte und die Lesung (1. oder 2. Lauf)
OD=1,148	OD-Wert der Reaktion
(65%)	Relative Abweichung zum Referenz-OD der Sonde
Positiv	Bewertung der Reaktion (positiv / negativ / falsch positiv / falsch negativ)
Kontrolle	Eigenschaft der Sonde (Kontrolle / unbestimmt / weak)
CutOff=0,140	Dieser Cutoff wird zur Bewertung der Sonde verwendet
± 0	Um diesen Prozentsatz wurde der Cutoff verschoben (automatischer Cutoff oder manuell mit dem Schieberegler rechts)

Cutoff

Es gibt verschiedene Möglichkeiten, den Cutoff für eine Probe zu optimieren:

- Mit dem Schieberegler rechts kann der Cutoff für alle Reaktionen nach oben oder unten verschoben werden.
- Durch "Ziehen" mit der Maus kann der Cutoff für jede einzelne Reaktion verschoben werden.
- Durch Aktivieren von "Automatischer Cutoff" hier oder in der Laborverwaltung wird der Cutoff anhand der Reaktionsstärke spezifischer Sonden neu berechnet.

Mit können Sie Ihre Veränderungen an den Cutoffs rückgängig machen.

Hinweis:

Ist in der Laborverwaltung der automatische Cutoff als Standardeinstellung gewählt, wird dieser in der Batchtypisierung nur verwendet, wenn die Software ohne Verschieben des Cutoffs kein Ergebnis ermitteln konnte.

Durchschnittspegel

Am Durchschnittspegel können Sie erkennen, wie weit die Reaktionen auf dieser Platte von der durchschnittlichen Reaktionsstärke abweichen. Ein positiver Wert zeigt an, dass die Reaktionen stärker ausgefallen sind als der Durchschnitt. Ein negativer Wert ergibt sich bei einer unterdurchschnittlichen Reaktionsstärke.

4.1.6.4 Typisierungsoptionen

In der Labor-Verwaltung sind die Typisierungsoptionen festgelegt, mit denen die Software standardmäßig arbeitet.
Diese Vorgaben können jederzeit im Typisierungsdialog für eine einzelne Typisierung angepasst werden:

- Nur häufige Allele: an oder aus.
- Automatischer Cutoff: an oder aus. Wenn nicht aktiviert, wird der Cutoff verwendet, der für diese Charge vorgesehen ist.
- Max. Anzahl Falsche: 0-5 falsch positive/falsch negative Reaktionen werden akzeptiert
- Nomenklatur: DNA, serologisch oder komprimiert
- Ausgabeformat: Liste, String oder NMDP

Sämtliche Parametereinstellungen der Typisierung werden gespeichert und entsprechend auch im Befundausdruck dokumentiert.

4.1.6.5 Anzeige der Ergebnisse

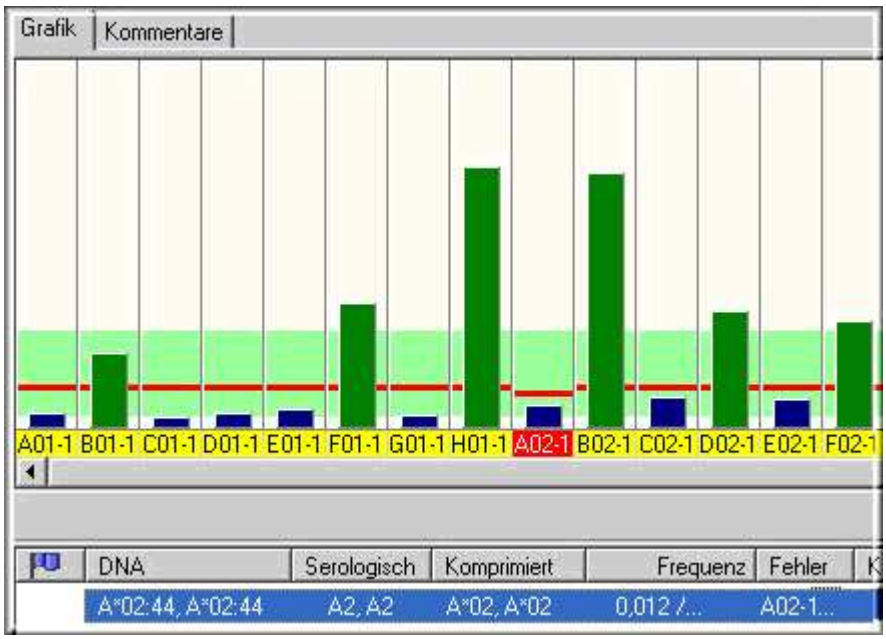
Alle Ergebnisse

Falls für diese Probe bereits alle Ergebnisse (oder ein NMDP Code im Typing) berechnet wurden, ist dieser "Taschenrechner" zu sehen. Wurden alle Ergebnisse berechnet, hat dies den Vorteil, dass alle Varianten von Nomenklatur und Ausgabeformat ohne Verzögerung angezeigt werden.

Bitte beachten Sie, dass bei einer erneuten Typisierung die Einträge in der Ergebnistabelle gelöscht werden.

Fenster unten links

Die Ergebnisse werden im linken Fenster vollständig angezeigt, d.h. in allen 3 Nomenklaturen, mit Angabe eventueller Fehlstellen. Wird ein Ergebnis markiert (einmal anklicken), welches Fehlstellen enthält, wird diese im Balkendiagramm rot markiert:



Je nach Eintrag in der Laborverwaltung (Eindeutigkeit des Befundes) muss, soll oder kann bei mehreren Einträgen ein Ergebnis als das Wahrscheinlichste markiert werden:

Die Markierung wird gesetzt, indem man auf das entsprechende Ergebnis doppelklickt. Das markierte DNA-Ergebnis wird im "Suchen"-Fenster in der Spalte "Ergebnis" angezeigt. Wenn kein DNA Ergebnis markiert wurde, aber für die im Typisieren eingestellte Einstellung ein gültiges NMDP Ergebnis für beide Alellkombinationen ermittelt werden konnte, erscheinen die Codes in der Ergebnisspalte.

Hinweis:

Ergebnisse mit Fehlpositionen können zwar ausgewählt, aber nicht markiert werden. Beim Versuch erscheint ein entsprechender Hinweis.

Es kann sinnvoll sein, weitere Ergebnisse aus dieser Liste mit auf dem Befund auszugeben, zum Beispiel Resultate mit Fehlpositionen. Ab Version 2.0 können die Einträge im Fenster unten links zum Kommentar kopiert werden. Die Kommentare werden auf dem Befund mit ausgedruckt. Dazu geht man folgendermaßen vor:

- Die Spalten zusammenschieben, die auf dem Ausdruck nicht gewünscht werden.
- Um alle Ergebnisse oder alle Ergebnisse mit Fehlpositionen zu übernehmen:
  (Alle Ergebnisse) oder (Ergebnisse mit Fehlpositionen) anklicken

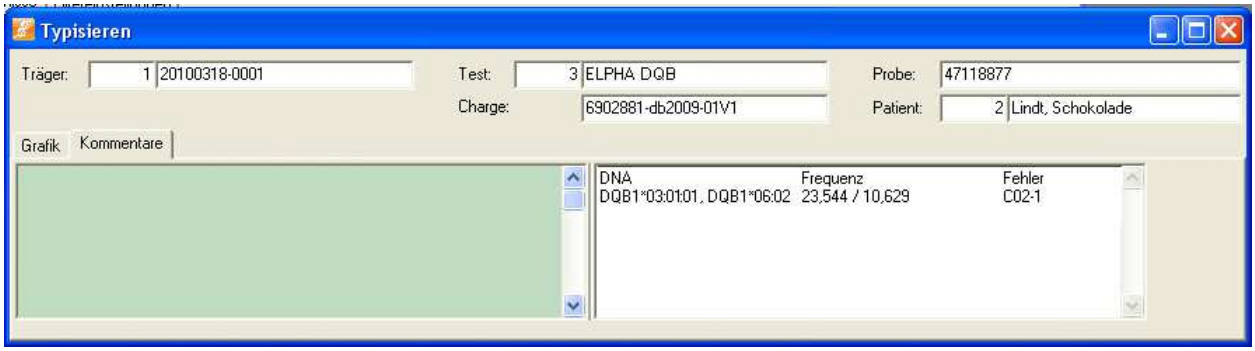
→ Die Ansicht wechselt zu "Kommentare". Die Ergebnisse werden im rechten Feld angezeigt.

- Um einzelne Ergebnisse in das Kommentarfeld zu übernehmen:
  Mit der Maus und gedrückter Umschalt- oder Steuerungs-Taste die Ergebnisse markieren.

- Mit der rechten Maustaste das Kontextmenü aufrufen, "Kopieren" wählen:

- Reiter <Kommentare> anklicken, um in das Kommentarfenster zu wechseln
- Mit der Maus in das rechte Kommentarfenster klicken
- Mit der rechten Maustaste das Kontextmenü aufrufen, "Einfügen" wählen

→ Die Ergebnisse aus dem Fenster sind als Kommentar eingetragen:

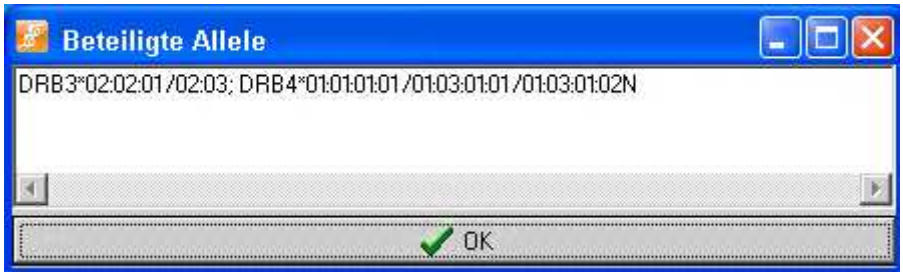


→ Speichern nicht vergessen!

DRB LowRes und DRB HighRes

Durch die Möglichkeiten, die sich durch die unterschiedliche Kombination von DRB1*-Allelen mit am Ergebnis beteiligten DRB3*/DRB4*/DRB5*-Allelen ergeben, würde die Anzeige einer vollständigen Ergebnisliste sehr lange dauern. Deswegen erscheint bei diesen Tests beim Markieren eines Resultates zusätzlich ein Fenster "Beteiligte Allele", in welchem für das ausgewählte Resultat die möglichen Allelkombinationen aufgelistet werden.

Alle Kombinationsmöglichkeiten beteiligter DRB3*/DRB4*/DRB5*-Allele für ein ausgewähltes Ergebnis werden zu Strings zusammengefasst und auf dem Befundausdruck ausgegeben.



Hinweis:

Bestimmung häufiger Allelkombinationen bei DRB Tests, die außer DRB1* auch DRB3*, DRB4* und DRB5* detektieren:

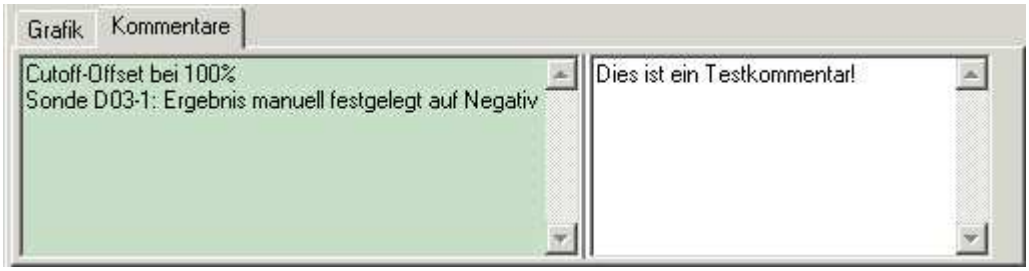
Eine Allelkombination wird als häufig genannt, wenn die Häufigkeit aller beteiligten Allele größer oder gleich dem in den Laboreinstellungen eingetragenen Schwellenwert ist.
Bei dieser Berechnung wird außer der Häufigkeit der DRB1* Allele auch die Häufigkeit der DRB3*, DRB4* und DRB5* Allele berücksichtigt.
Dies betrifft die Tests ELPHA DRB SL LowRes, ELPHA DRB SL HiRes, ELPHA DRB DL HiRes.

Fenster unten rechts

Hier wird das Ergebnis in der ausgewählten Nomenklatur angezeigt. So wird es auch im Befundausdruck erscheinen.

4.1.6.6 Kommentare

Durch Anklicken des Reiters <Kommentare> oben links gelangt man in ein zweigeteiltes Fenster. Links im hellgrünen Fenster stehen vom System erzeugte Kommentare. Auf der rechten Seite können eigene Kommentare eingetragen werden (max. 250 Zeichen):



Wie man Ergebnisse aus dem Fenster von unten rechts im Typisierungsdialog in das Kommentarfenster kopiert, ist im vorhergehenden Kapitel "Anzeige der Ergebnisse" beschrieben.

4.1.6.7 Freigabe

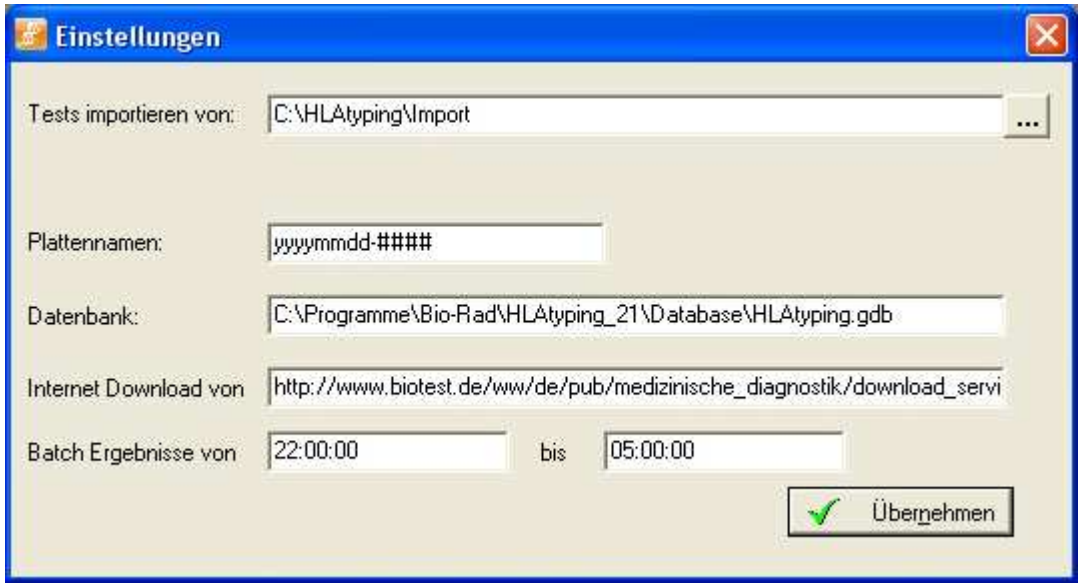
Wenn Sie mit der Typisierung durch die Software einverstanden sind, wird diese durch Anklicken von <Freigabe> freigegeben. Danach kann das Ergebnis nicht mehr verändert werden!
→ Im **Suchen**-Fenster wird die Probe als freigegeben markiert.

Hinweis:

Auf ausdrücklichen Kundenwunsch kann der Bio-Rad-Produktspezialist die Option freischalten, bereits freigegebene Proben zu bearbeiten.

4.1.7 Ermittlung von Ergebnistabellen

Die Software verfügt über eine Funktion "Ergebnistabellen erzeugen", die alle Ergebnisformate einer Typisierung in der Datenbank ablegt.
Diese Funktion wird über den Menüpunkt **Extras - Ergebnistabelle erzeugen** aufgerufen. Den Zeitraum, in welchem die Routine arbeiten soll, stellen Sie in der Maske "Einstellungen" unter "Batch Ergebnisse von... bis ... " ein (siehe Kapitel 2.3):



Ist die Funktion aufgerufen, werden innerhalb des angegebenen Zeitraums alle erfolgreich typisierten Proben der Reihe nach abgearbeitet, für die bisher nur Ergebnisse in einem bestimmten Format hinterlegt sind.

Ist der für die Routine gewählte Zeitraum ausreichend, liegen z.B. am nächsten Morgen alle Ergebnistabellen für die Proben des Vortages vor. Dies hat den Vorteil, dass alle Varianten der Nomenklatur und Ausgabeformate ohne Verzögerung angezeigt werden.

Hinweis:

Nach Aufruf läuft die Erzeugung der Ergebnistabelle einmalig innerhalb des gewählten Zeitraums, auch wenn Sie die HLA Typing Software nach dem Aufruf der Routine schließen.
Wenn Sie am nächsten Tag im selben Zeitraum wieder eine Ergebnistabelle berechnen lassen möchten, müssen Sie diese erneut starten.

Wenn nötig, kann durch Anklicken des Taschenrechnersymbols im **Suchen**-Fenster eine Ergebnistabelle auch für einzelne markierte Proben erzeugt werden. In dieser Zeit ist das Weiterarbeiten mit der Software nicht möglich.

Diese Routine zur Ermittlung von Ergebnistabellen dient auch der Aktualisierung von NMDP Codes nach Anmeldung neuer Allelkombinationen bei der NMDP (siehe auch Kapitel 4.1.8 Ermittlung von NMDP Codes).

4.1.8 Ermittlung von NMDP Codes

Ab HLA Typing 2.0 werden NMDP Codes online über ein HTML Dokument der NMDP Webseite aktualisiert.
Dies hat den Vorteil, dass Sie stets auf dem aktuellen Stand sind, was die Codes anbelangt.

Nach einer Aktualisierung der Alleldatenbank in den Chargendateien kann es sein, dass die gefundenen Allelkombinationen noch nicht bei NMDP eingereicht sind. Daher findet die Software dann nicht für alle Kombinationen einen Code.

Im Ergebnisfeld der Software würde das z.B. so aussehen:

```
B*14:02/14:06
=> B14BF
---
B*15:01/15:12/15:19/15:26N/15:27/15:32/15:33/15:34/15:35/15:15:38
/15:60/15:75
-> No code exists fort he above combination!
```

- Für die Kombination B*14:02/B*14:06 konnte der Code B*14BF ermittelt werden.
- Die Kombination B*15:01/...../15:75 ist noch nicht bei NMDP angemeldet.

  Die Software gibt einen Kommentar aus, dass für diese Kombination kein Code gefunden wurde.

Wenn Sie die Option "Typisierung Speichern" oder die Routine zur Berechnung der Ergebnistabelle verwendet haben, werden alle Kombinationen ohne gültigen Code von der Software in eine Logdatei geschrieben, die Sie im Ordner Export finden (C:\Programme\Bio-Rad\HLAtyping_21\Export bei Standardinstallation). Die Datei "NMDP_no_results.log" dient zur Anmeldung der Kombinationen bei NMDP.
Für obiges Beispiel sieht der Eintrag in der Datei folgendermaßen aus:

Wenn Sie die Kombination bei NMDP eingereicht haben, sollten sie die Log-Datei löschen, um zu vermeiden, dass Sie Allelkombinationen doppelt einreichen.

Über die Routine zur Berechnung aller Ergebnisse (siehe Kapitel 4.1.7) können Sie nach der Bereitstellung der entsprechenden Codes durch die NMDP die Ergebnisse in der Datenbank aktualisieren.

Die Möglichkeit, eine neue Ergebnistabelle zu erzeugen, bleibt so lange erhalten, bis für Ihre im Typisieren ausgewählte Einstellung (häufig/alle) gültige Codes gefunden wurden und in die Ergebnistabelle geschrieben werden konnten.

Falls noch kein gültiges NMDP Ergebnis gefunden wurde, erkennen Sie dies auch an dem aktiven Taschenrechner-Symbol im **Suchen**-Dialog, wenn Sie eine Probe markieren.

Sobald gültige Codes für eine Probe errechnet wurden, erscheinen diese in der Spalte "Ergebnis" im **Suchen**-Dialog.

Das Taschenrechner-Symbol für die entsprechende Probe ist nun inaktiv.

Hinweise:

Voraussetzung für die Ermittlung von NMDP Codes ist ein funktionierender Internetanschluss.

Bei Erstellung der Logdatei wird sichergestellt, dass es keine doppelten Einträge gibt.

4.1.9 Drucken/Export

Im Suchen-Fenster stehen für eine Probe folgende Optionen zur Verfügung:

Probenbefund drucken:
Das ausgewählte Ergebnis (ausgewählte Probe mit dazu gehörendem Testresultat) wird gedruckt.

Summenbefund drucken:
Für die ausgewählte Probe (Probennummer) werden alle Tests gedruckt.

Patientenbefund drucken:
Für den ausgewählten Patienten werden alle Tests gedruckt, auch Tests, die unter verschiedenen Probennummern liefen.

Suchliste drucken:
Die im **Suchen** - Dialog angezeigte Liste der Proben wird ausgedruckt. Auf dem Ausdruck wird aufgelistet, mit welchen Filtereinstellungen der Ausdruck erstellt wurde.
Spalten, die Sie auf dem Ausdruck nicht benötigen, können im **Suchen** - Dialog auf die minimale Spaltenbreite reduziert werden. Sie werden dann nicht mitgedruckt.

Ergebnis exportieren:
Analog zum Probenbefund. Zu jedem ausgewählten Eintrag wird eine Datei mit dem Testresultat erzeugt. Die Datei des Standard-Laborprofils wird im Ordner ...\Export abgelegt. Falls gewünscht, wird die XML-Datei zum Export nach Score in dem unter **Datei - Exportieren** eingegebenen Verzeichnis abgelegt.

Hinweise:

Beim Ausdruck von nicht freigegebenen Proben wird auf jeder Seite des Ausdruckes darauf hingewiesen.

Auf jedem Ausdruck wird die Chargennummer, der Testkit sowie der verwendete Träger angegeben.

Ab Version 2.0 wird zu jeder Probe in der Fußzeile die Probennummer und das Datum, bei Patientenbefunden auch der Patientenname ausgedruckt.

Über den -Button sind erweiterte Druckoptionen zugänglich.

4.2 Drucken/Export: erweiterte Funktionen

Zusätzlich zu den <Drucken>-Buttons im **Suchen**-Fenster stehen Ihnen erweiterte Druckoptionen zur Verfügung.

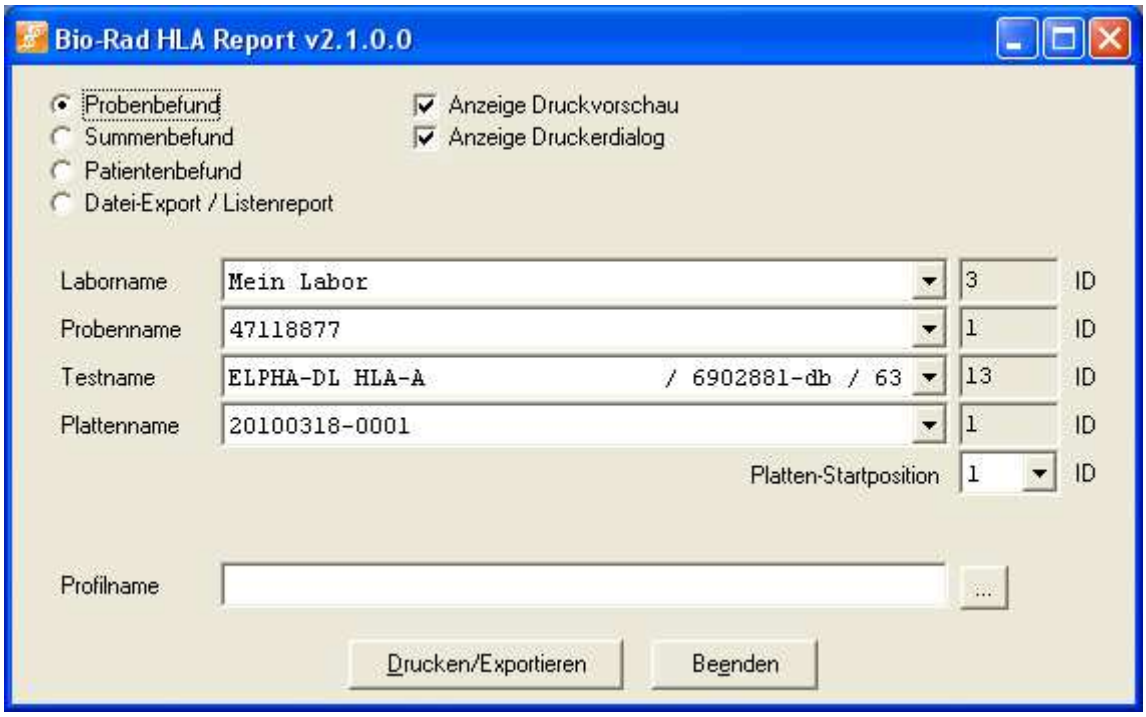
Festlegen der Standardprofile in der Laborverwaltung

Für jedes Labor können verschiedene Ausgabeprofile hinterlegt werden. Diese werden beim Drucken im **Suchen**-Fenster verwendet.

Zusätzliche Druckoptionen

Aufruf über **Datei - Exportieren**
oder **Datei - Drucken**
oder direkt über

→Es erscheint eine Maske, in der sämtliche Druck/Exportparameter frei kombiniert werden können:



Prinzipiell kann man hier die gleichen Befunde ausdrucken wie über das Suchen-Menu. Es empfiehlt sich, dieses Menu zu nutzen, wenn Sie individuelle, von den Standard-Laboreinstellung abweichende Profile einzelner Proben drucken oder exportieren möchten.

Je nach Druckmodus werden die nötigen Informationen abgefragt.

Das Bild zeigt die Einstellungen, die für einen Befund-Export erforderlich sind. Bei einem Patientenbefund wird z.B. der Patientenname erfragt.

Neben den befundspezifischen Angaben (Probenname, Testname etc.) finden sich ab Version 2.0 weitere Optionen im Druckerdialog:

Anzeige Druckvorschau

Wenn diese Option angewählt ist, kann man den Befund und sein Layout nochmals ansehen, bevor er gedruckt wird.

Anzeige Druckerdialog

Falls Befunde auf verschiedenen Druckern ausgedruckt werden, muss diese Option ausgewählt sein. Dann kann bei jedem Befunddruck den Drucker ausgewählt werden.

XML-Export nach Helmberg Score

Dies ist eine Schnittstelle zu Helmberg Score. Die Befunde von der HLA Typing Software können als XML exportiert und in die Helmberg Score-Software ab Version 3.3.1.5F eingelesen werden. Setzen Sie hierzu das Häkchen bei *Dateiexport/Listenreport* und bei *XML-Export*. Über den ... - Button können Sie das Verzeichnis auswählen, in welchem die XML-Dateien standardmäßig abgelegt werden sollen.

Hinweis:

Die XML-Datei wird immer zusätzlich zu einem Exportprofil (z.B. im PRN- oder TXT-Format) generiert. Daher müssen Sie beim Export eines einzelnen Ergebnisses nach XML zusätzlich ein Profil unter *Profilname* eintragen.

Export/Report mit eigenem SQL-Befehl

Falls Sie ein Export/Reportprofil verwenden, welches speziell für Ihre Anforderungen erstellt wurde, muss eventuell diese Option ausgewählt sein. Die nötigen Informationen erhalten Sie vom Bio-Rad Kundendienst.

Profilname

Es muss ein passendes Druckprofil bzw. Exportprofil ausgewählt sein!

Hinweis:

Das Druckprofil **EXP_SEL_txt01.rtm** generiert eine Export-Tagesdatei, in der die Probennummern den Suchschlüssel darstellen. Wird **am selben Tag** eine Probe mehrmals typisiert und das Ergebnis über dieses Profil exportiert, so wird stets das zuletzt exportierte Ergebnis behalten und das zuvor exportierte Ergebnis überschrieben.

4.3 Allel-Häufigkeiten festlegen

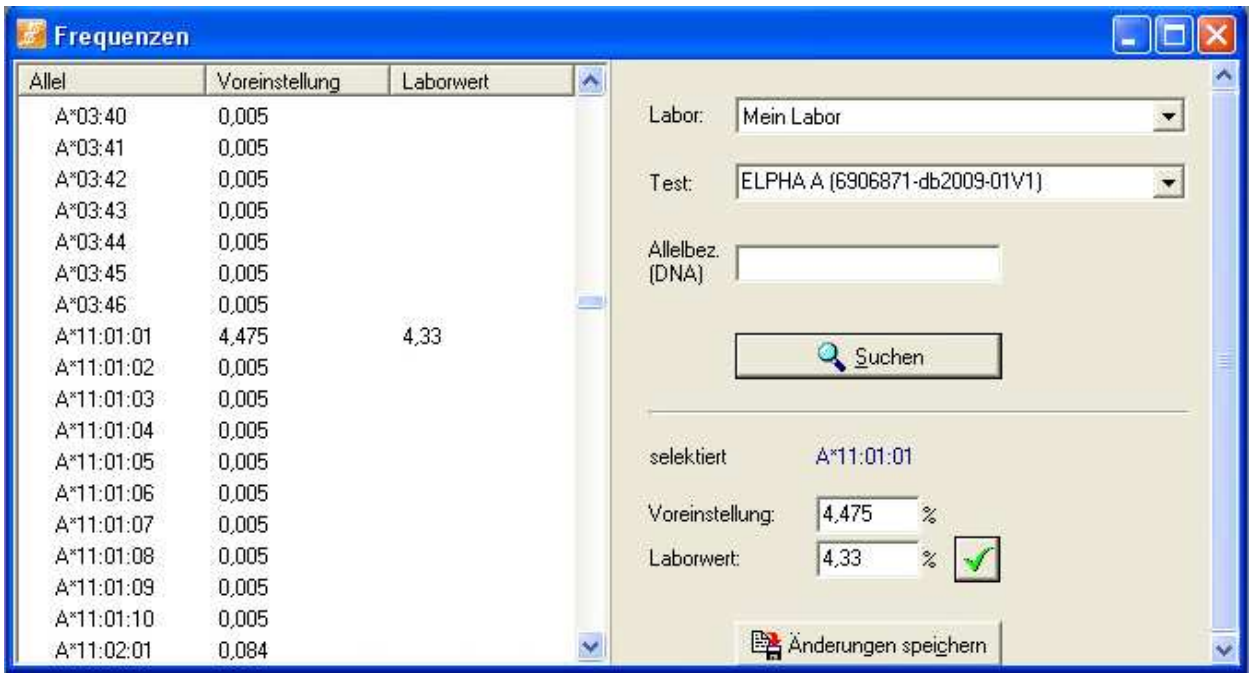
Den Chargendaten werden mit den Allel-Listen auch die Häufigkeiten der Allele beigefügt.

Falls bei Ihrer Probandenpopulation die Allelhäufigkeiten von den Chargendateien abweichen, können diese über geändert werden.

→ Es erscheint eine Eingabemaske.

1. Wählen Sie das Labor, in welchem Sie die Allelhäufigkeiten anpassen wollen
2. Wählen Sie einen Test aus. Es können nur Tests ausgewählt werden, mit denen das Labor aktuell arbeitet ("aktive Tests").
3. Betätigen Sie den Button <Suchen>.

→ Die Allelliste wird angezeigt:



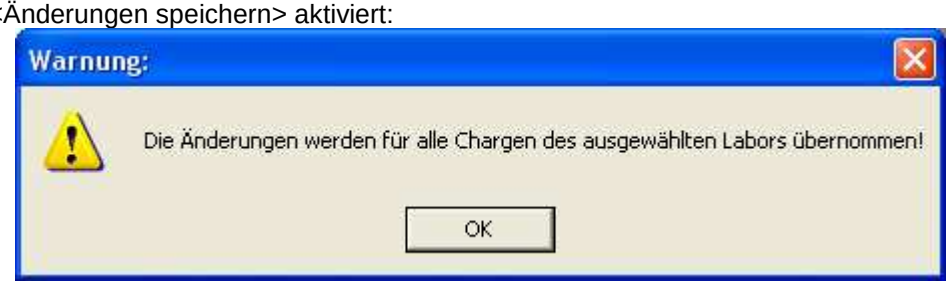
Die Liste ist standardmäßig nach Allelbezeichnung sortiert. Durch Anklicken einer Spalte kann auch eine andere Sortierung gewählt werden. Dies wird durch einen Pfeil in der ausgewählten Spalte angezeigt.

4. Für die Suche nach einem bestimmten Allel des ausgewählten Tests geben Sie in das Feld "Allelbez." %Allelbezeichnung ein (z.B. %DRB1*04:01:01) und drücken <Suchen>.
5. Nun kann aus der Liste das gewünschte Allel durch Anklicken herausgesucht werden. Bei "Voreinstellung" sehen Sie die voreingestellte Häufigkeit, darunter können Sie Ihren Wert (=Laborwert) eintragen.

6. Beim Betätigen des grünen Häkchens wird der Wert in die Spalte "Laborwert" eingetragen.

Vorsicht!
Diese Änderung wirkt sich auf sämtliche Typisierungsergebnisse aus! Bitte beachten Sie auch den in der Labor-Verwaltung eingetragenen Schwellenwert für "häufige Allele"!

7. Wenn Sie alle Änderungen vorgenommen haben, werden die neuen Werte durch Anklicken von <Änderungen speichern> aktiviert:



Wiederherstellen der Vorgabewerte: Den Eintrag bei "Laborwert" löschen, <Änderungen speichern>.

4.4 Fenster

In der HLA Typing Software können verschiedene Fenster geöffnet sein. Wenn Sie z.B. bei **Suchen** einen Eintrag aus der Liste aussuchen und bearbeiten, wird zusätzlich zum Fenster mit der Liste ein weiteres Fenster für diese Probe geöffnet. Über den Menüpunkt **Fenster** können Sie Ihre Fenster nach Belieben anordnen.

Zudem erscheint hier eine Liste der geöffneten Fenster, so dass Sie "verloren gegangene" Fenster sofort wiederfinden.

4.5 Online-Hilfe

Taste <F1> drücken - und Sie gelangen in die Online-Hilfedatei. Es wird automatisch der Hilfetext angezeigt, der zu dem gerade geöffneten Fenster passt. Wenn Sie Hilfe zu einem anderen Thema benötigen, können Sie diese auf verschiedenem Wege schnell finden:

1. Über das links eingeblendete Inhaltsverzeichnis. Es entspricht dem Inhaltsverzeichnis des gedruckten Handbuches.
2. Über die Seite "Index" oder "Stichworte". Dort geben Sie den Begriff ein, zu dem Sie Hilfe benötigen. Danach werden die Themen angezeigt, in denen dieser Begriff vorkommt.

Mit den Pfeiltasten oben können Sie vor- und zurückblättern. Das ist sinnvoll, wenn Sie sich in ein umfassenderes Thema einlesen wollen, z.B. die Typisierung.

4.6 Das Programm beenden

- Entweder wie jede Windows-Applikation über das ☒ ganz oben rechts in der Ecke
- oder über **Datei - Beenden**
- oder direkt über den -Knopf

5 Anhang

5.1 Reader konfigurieren

Bei entsprechender Zugriffsberechtigung können Sie die Reader-Einstellungen konfigurieren.

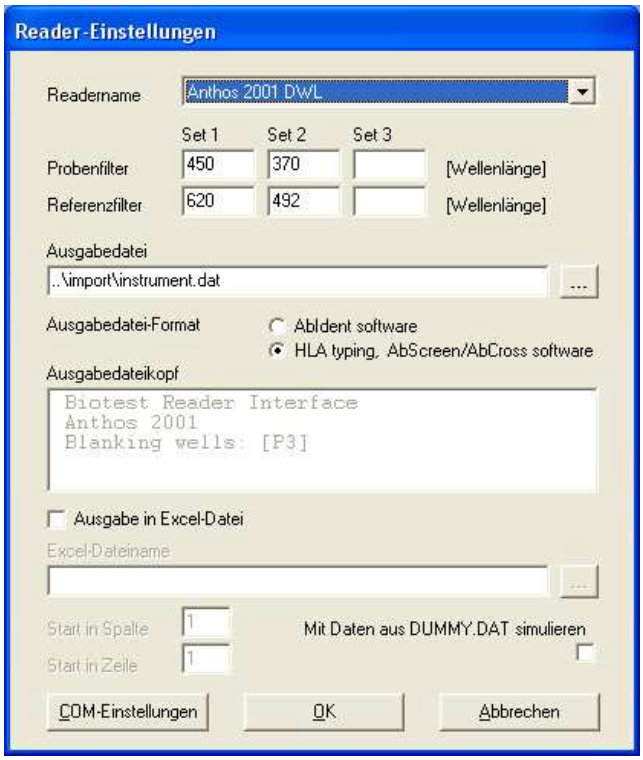
Hinweis:

Üblicherweise ist dies Aufgabe des Bio-Rad Produktspezialisten! Falls Sie hier ohne Rücksprache mit Bio-Rad Änderungen vornehmen, kann seitens Bio-Rad keine Garantie für das fehlerfreie Funktionieren der Schnittstelle zum Reader übernommen werden!

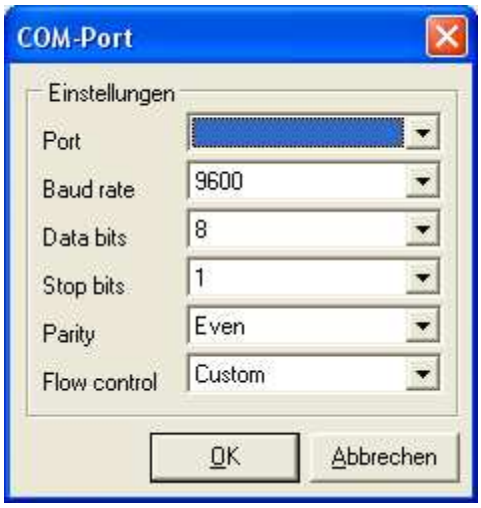
- Aufruf über **Suchen** - Probe mit Status "angelegt" auswählen - Button <Reader> anklicken - es erscheint das Reader-Fenster:

- Über den Button <Einstellungen> gelangt man in das Setup-Menu.
- Als Erstes wählen Sie Ihren Reader aus der Liste aus:

- Nach der Auswahl Ihres Readers können die erforderlichen Einstellungen für Filter und Ausgabedatei(en) vorgenommen werden:



- Über einen weiteren Button gelangt man in die COM-Einstellungen:



- Abspeichern und Verlassen der COM-Einstellungen durch <OK>
- Abspeichern und Verlassen der Reader-Einstellungen durch <OK>

Hinweis:

Bitte beachten Sie auch die Empfehlungen betreffend Reader im Kapitel Systemvoraussetzung!

5.2 Pipettierer konfigurieren

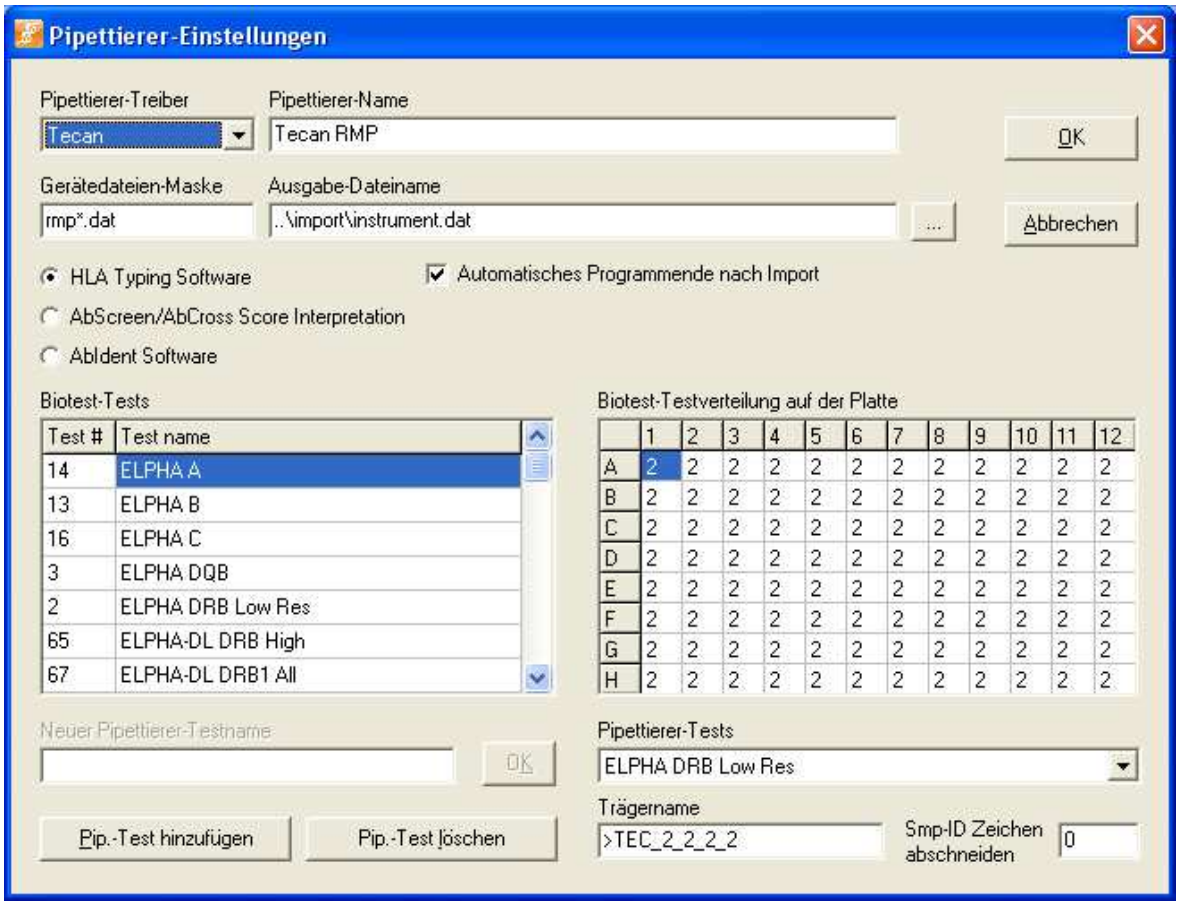
Bevor Sie Pipettiererdaten übernehmen können, muss die HLA Typing Software so konfiguriert werden, dass Pfade, Plattenname und Plattenbelegung mit dem übereinstimmen, was der Pipettierer als Ergebnis ausgibt. Bei der Installation der Software werden die gängigen Pipettierer-Tests mitgeliefert. Sollten Sie aber dennoch einen Test haben, der noch nicht vorhanden ist, müssen Sie diesen einmalig in die Testliste aufnehmen.

Hinweis:

Üblicherweise ist dies Aufgabe des Bio-Rad Produktspezialisten! Falls Sie hier ohne Rücksprache mit Bio-Rad Änderungen vornehmen, kann seitens Bio-Rad keine Garantie für das fehlerfreie Funktionieren der Schnittstelle zum Pipettierer übernommen werden. Unser Kundendienst hilft Ihnen aber jederzeit gerne weiter.

5.2.1 Einstellungen: Tecan

Über - <Einstellungen> gelangt man in den Dialog für die Pipettierer-Einstellungen. Hier können jetzt die erforderlichen Einstellungen vorgenommen werden:


Pipettierer-Einstellungen
Pipettierer-Treiber
Tecan
Pipettierer-Name
Tecan RMP
OK
Gerätedateien-Maske
rmp*.dat
Ausgabe-Dateiname
..\import\instrument.dat
...
Abbrechen
HLA Typing Software
Automatisches Programmende nach Import
AbScreen/AbCross Score Interpretation
AbIdent Software
Biotest-Tests
Test #
Test name
14 ELPHA A
13 ELPHA B
16 ELPHA C
3 ELPHA DQB
2 ELPHA DRB Low Res
65 ELPHA-DL DRB High
67 ELPHA-DL DRB1 All
Biotest-Testverteilung auf der Platte
1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12
A 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2
B 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2
C 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2
D 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2
E 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2
F 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2
G 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2
H 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2
Neuer Pipettierer-Testname
OK
Pipettierer-Tests
ELPHA DRB Low Res
Trägername
>TEC_2_2_2_2
Smp-ID Zeichen abschneiden
0
Pip.-Test hinzufügen
Pip.-Test löschen

Aktueller Pipettierer-Treiber: Zur Zeit gibt es Treiber für Tecan RMP, Quickstep und BEP III.

Pipettierer-Name: Name / Bezeichnung des Pipettierers eintragen

Eingabe-Dateimaske: Tecan: rmp*.dat

Quickstep: *.txt

Ausgabe-Dateiname: Diese Datei wird von der Software selbst erzeugt. Sie wird im Import-Verzeichnis erwartet und muss den Namen "instrument.dat" tragen.

Auswahlmenü HLA Typing/AbScreen/AbIdent: Das Pipettierer-Interface wird von mehreren Bio-Rad-Programmen verwendet. Hier muss **HLA Typing Software** ausgewählt sein!

Automatisches Programmende nach Import: Nach Import der Daten und Bestätigung des Importprotokolls gelangt man direkt wieder ins Hauptmenu. Die Importmaske wird nicht erneut angezeigt, man spart sich das Anklicken von <Ende>.

5.2.1.1 Test erstellen

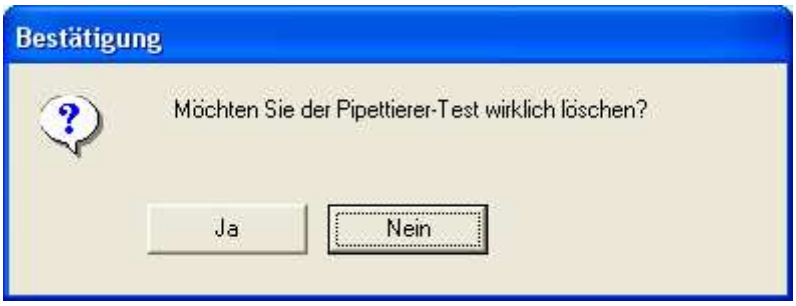
Die bei Ihnen verwendeten Tests werden normalerweise bei Installation durch Ihren Produktspezialisten eingerichtet. Sollten Sie dennoch einmal einen Test erstellen müssen, gehen Sie wie folgt vor:

- <Pip.-Test hinzufügen> drücken
- Neuen Namen vergeben (=Testname Pipettierer-Datei), <OK> drücken
- Träger korrekt benennen, siehe auch Kapitel "Träger definieren"
- Im MTP-Fenster den Bereich für einen Test auswählen.
- Im Fenster "Bio-Rad-Tests" auf den Test doppelklicken, der im markierten Plattenbereich pipettiert wird.
- Falls verschiedene Tests auf einer Platte pipettiert werden: Nächsten Bereich auf MTP markieren, nächsten Test definieren
- Falls nötig: ganz unten rechts angeben, wie viele Stellen am Ende der Probennummer entfernt werden sollen. Das Abschneiden von Zeichen von der Proben-ID ist bei Tests mit zwei Amplifikationen wichtig, wie z.B dem DRB High Res Test. Bei diesem ist in den Pipettierer- Dateien die Proben-ID am Ende mit einem Suffix für die jeweilige Amplifikation versehen. Durch das Abschneiden dieser Position werden z.B die Proben 18G und 18T zur Proben-ID 18 zusammengeführt. Wenn in der Pipettierer-Datei die Probe 4711 eines HLA-AB Tests mit dem Suffix a für HLA-A und dem Suffix b für HLA-B versehen ist, wird durch Abschneiden eines Zeichens die Proben ID 4711a und 4711b zu der Probe 4711 zusammengefaßt.
- Fertig? Mit <OK> oben rechts abspeichern

> ***Hinweis:***
>
> Achten Sie beim Anlegen eines neuen Pipettierertests immer darauf, dass die Tests und die Zuordnung der Trägerbezeichnung Ihrer tatsächlichen Testanordung entsprechen!

5.2.1.2 Test löschen

- Test aus Liste <Pipettierer-Tests> auswählen
- <Pip.-Test löschen> drücken, es erscheint folgender Hinweis:



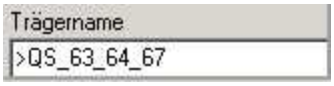
- <Ja> anklicken - der Test ist weg!

5.2.2 Einstellungen: Quickstep

Die Einstellungen für Quickstep sind bis auf zwei Kleinigkeiten identisch zu den Einstellungen für Tecan:

- Der Treiber heisst "Quickstep", die dazu gehörende Datei *.txt

- Der Trägername beginnt mit >QS



5.3 Hinweis Datensicherung

Die HLA Typing Software benutzt eine relationale Datenbank (standardmäßig Interbase 6.x), worin alle Informationen abgelegt werden, die während des Arbeitens mit dieser Software erzeugt werden. Insbesondere sind dies:

- Patientendaten
- Rohdaten von Reader oder Pipettierer
- Typisierungsergebnisse
- Chargendokumentation
- User-Dokumentation

Diese Datenbank überwacht selbständig ihre Integrität und weist unzulässige Aktionen zurück. Dies schließt jedoch eine Beschädigung durch externe Einflüsse (z.B.Hardwaredefekte) nicht aus!

Bei Verlust oder Beschädigung der Datenbank gehen wichtige Informationen unwiderbringlich verloren!

Es ist daher die Pflicht der für das Labor zuständigen IT-Abteilung, für eine regelmäßige Sicherung der Datenbank zu sorgen.

Standardpfad und -Name der Datenbank:

C:\Programme\Bio-Rad\HLAtyping_21\Database\hlatyping.gdb

5.4 Hinweis Datenschutz

Die HLA Typing Software bietet durch ihre Benutzerverwaltung die Möglichkeiten, datenschutzrelevante Angaben (Patientendaten) vor unrechtmäßigem Zugriff zu schützen. Zudem ist die Datenbank logisch gegen unrechtmäßige Zugriffe geschützt.

Der Anwender ist jedoch verpflichtet sicherzustellen, dass diese Möglichkeit auch bestimmungsgemäß genutzt wird. So muss man zum Beispiel die angemessene Vorsicht im Umgang mit Passworten walten lassen!

5.5 Software-Meldungen / Wie reagieren?

Wie jedes Programm wird auch die HLA Typing Software bei zahlreichen Gelegenheiten Hinweise, Warnungen oder Fehlermeldungen anzeigen. Theoretisch sollten diese selbsterklärend sein. Da dies in Praxis nie der Fall ist, folgt nun eine Liste von Meldungen sowie der dazu passende Vorschlag, was zu tun ist.

In der Online-Version verweisen unterstrichene Schlagwörter auf die entsprechende Stelle in der Hilfedatei.

Folgende Meldungen können erscheinen	**Bedeutung / Das sollten Sie tun**
Dieses Fenster enthält Daten, die noch nicht gespeichert wurden. Soll es trotzdem geschlossen werden?	vergessen? <Nein> drücken, speichern, dann erst schließen. Falls Sie bewußt eine Änderung NICHT speichern wollen, können Sie natürlich das Fenster mit <Ja> schließen
Bitte zuerst die Patientenmaske schließen!	Damit sich die einzelnen Module der Software nicht ins Gehege kommen, dürfen nicht gleichzeitig verschiedene Masken (=Fenster / Arbeitsbereiche) offen sein, in denen Daten geändert werden könnten, die miteinander verknüpft sind (z.B. Reaktionseingabe und Typisierung, da die Typisierung von den Reaktionen abhängt).
Bitte erst die Bearbeitungsmaske schließen!	
Bitte schließen Sie erst die Reaktionseingabe - Maske!	
Bitte schließen Sie erst die Typisierungsmaske!	
Bitte schließen Sie alle Unterfenster der Applikation!	Die ausgewählte Aktion (z.B. Testchargen aktivieren) kann nur "alleine" ausgeführt werden.
Diesen Patienten gibt es schon!	Patient anlegen: Name, Vorname und Geburtsdatum stimmen mit einem bereits erfassten Patienten überein
Der Name fehlt!	Patient anlegen: Kein Nachname angegeben
Das Geburtsdatum ist ungültig	Patient anlegen: Das Geburtsdatum muss im Format TT.MM.JJJJ eingetragen werden
Der Plattenname fehlt!	Test anlegen: Es wurde kein Plattenname eingetragen oder generiert.
Den Plattennamen gibt es schon!	Anderen Plattennamen vergeben. Mit der Option Generieren vermeiden Sie diesen Fehler.
Die Probennummer fehlt!	Test anlegen: Es wurde keine Probennummer eingetragen. Neue Probennummer eintragen
Träger wird verwendet und kann nicht gelöscht werden!	Sobald ein Träger für eine Bestimmung verwendet wurde, kann er nicht mehr gelöscht werden.
Für eine automatische Erzeugung enthält der Plattenname zu wenige Platzhalter (#)	Diese Fehlermeldung kann auch erscheinen, wenn Sie manuell eine Plattenbezeichnung vergeben. Ursache: Nicht korrekte Voreinstellung für den Plattennamen im Menü **Einstellungen**
Diesen Namen gibt es schon!	Laborverwaltung: Es wurde versucht, einen Namen doppelt zu vergeben. Andere Bezeichnung für dieses Laborprofil eintragen!
Das Standard - Labor darf nicht gelöscht werden!	Es wurde versucht, das Laborprofil <Standard> zu löschen. Sie können es aber umbenennen, wenn Ihnen der Name

	<Standard> nicht gefällt.
Die Laborbezeichnung fehlt!	Laborverwaltung: Sie haben ein neues Profil definiert, aber noch keinen Namen dafür vergeben.
Es sind maximal 5 falsche Reaktionen erlaubt!	Laborverwaltung: Sie haben aus Versehen einen zu hohen Wert eingetragen. Da Sie für eine einzelne Typisierung immer die Anzahl falscher Reaktionen heraufsetzen können, wird empfohlen, hier "0" einzutragen!
Der Frequenzwert ist kein gültiger Prozentwert!	Laborverwaltung, Schwellenwert für häufige Allele. Theoretisch eine Zahl zwischen 0,00 und 100,00. Standardeinstellung 0,01%. Eventuell Punkt statt Komma eingetragen?
Labor wird verwendet und kann nicht gelöscht werden!	Laborverwaltung. Sobald mit einem Laborprofil gearbeitet wurde, kann es nicht mehr gelöscht werden. Es würden sonst wichtige Informationn zur Befunderstellung verloren gehen.
Eingabe im ersten Lauf fehlt!	Manuelle Eingabe der Reaktionen: Bei einem Doppellauf-Test wurde versehentlich nur der 2. Lauf eingetragen
Die Trägerbezeichnung darf nicht leer sein!	Sie haben einen neuen Träger definiert, ihn aber nicht benannt.
Es muss mindestens einen Test geben!	Sie haben einen neuen Träger definiert, aber keinen Test darauf angeordnet.
Der Test ist zu groß!	Träger definieren: Es sind auf dem Träger nicht mehr genügend Näpfchen für den ausgewählten Test frei.
Diesen Trägernamen gibt es schon!	Sie müssen sich einen anderen Namen einfallen lassen.
Es wurde keine Allelkombination ausgewählt	Voreinstellung "muss"; <Freigabe> angeklickt, ohne vorher ein Allelkombination auszuwählen.
Sie sollten eine Allelkombination auswählen	Voreinstellung "soll"; <Freigabe> angeklickt, ohne vorher ein Allelkombination auszuwählen. <Ja> - zurück zum Typisierungsdialog. <Nein> - Freigabe erfolgt.
Es sind keine NMDP-Codes geladen	Im Typisierungsdialog wurde versucht, als Ausgabeformat "NMDP" auszuwählen, bevor die NMDP-Liste importiert wurde.
Die ausgewählte Datei ist keine Patientendatei!	Patienten importieren: Die Datei heisst vielleicht *.txt, aber der Inhalt stimmt nicht. Falls Sie sicher sind, dass Sie die richtige Datei ausgewählt haben: Überprüfen Sie das Dateiformat (IT-Abteilung und Bio-Rad)!
Patient wird verwendet und kann nicht gelöscht werden!	Sie haben versucht, in der Patientenliste einen Patienten zu löschen, der bereits einer Probe zugeordnet wurde.
Sample *4711* hat bereits Patient. Patient *Meyer* nicht eingelesen	Beim Patienten-Import wurde versucht, unter einer bereits vergebenen Proben-ID einen neuen Patienten einzulesen.
Sie müssen mindestens einen Status selektieren, sonst ist die Liste leer!	Suchen - Filter: Mindestens ein Häkchen bei Probenstatus!
Das Von - Datum muß vor dem Bis - Datum liegen!	Suchen - Filter: Sie haben sich bei der Eingabe des Zeitraums vertan
Sie haben nicht genügend Rechte. Wenden	Sie haben versucht, etwas zu tun, was der Administrator

sie sich an den Administrator !	für Sie nicht erlaubt hat. In der Benutzerverwaltung kann er Ihnen die fehlende Berechtigung einräumen.
Sie haben nicht genügend Rechte. Rufen sie die Benutzerverwaltung auf!	Sie haben sich als Administrator eingeloggt und versucht, etwas zu tun, was ein Administrator nicht darf. Bitte beachten Sie, dass die Beschränkung des Administrators auf das Administrieren gewollt ist.
Probennummer fehlt	Eintrag im Protokoll "Import Pipettiererdaten": Beim Import von Pipettiererdaten fehlte(n) die Probennummer(n)
Die Datei `C:\Programme\Bio-Rad\-HLAtyping_21\Import\instrument.dat` konnte nicht gefunden werden. Aktion abgebrochen.	Der Pfad der Ausgabe-Datei in der Pipettierer- oder Reader-Einstellung ist nicht korrekt. Er muss "..\import\instrument.dat" lauten.
'Träger *>QS_14_13* nicht gefunden. Platte nicht angelegt	Eintrag im Protokoll "Import Pipettiererdaten": Den geforderten Träger über Pipettierer-Setup anlegen!
Platte *12345678* wurde schon typisiert. Platte nicht eingespielt	Eintrag im Protokoll "Import Pipettiererdaten": Sobald die Platte typisiert wurde, können die Rohdaten nicht mehr geändert oder erneut importiert werden.
Sie haben keine Chargen ausgewählt!	Über die benutzte(n) Charge(n) aktivieren!
Für den gewünschten Test ist keine Charge ausgewählt!	Über die benutzte Charge aktivieren!
Bitte senden Sie diesen Fehler zusammen mit dem heutigen Logfile	Es ist ein Fehler eingetreten, der von Bio-Rad bearbeitet werden muss. - Notieren Sie sich den Fehlertext, so dass Sie ihn exakt an Bio-Rad weitergeben können. - Zusätzlich senden Sie die Datei `C:\Bio-Rad\HLAtyping_21\Log\`*`aktuelles Datum`*`\HLATYPING.log` an Bio-Rad
Die Datenbank hat die falsche Version! Erwartet wird Datenbankversion 2.0	Sie haben versucht, eine Datenbank einer älteren Version mit HLA Typing 2.0 zu öffnen. Sie müssen die Datenbank erst konvertieren, bevor sie mit HLA Typing 2.0 bearbeitet werden kann.
Ergebnisse mit Fehlpositionen dürfen nicht markiert werden!	Um das gewählte Ergebnis markieren zu können, müssen Sie die fehlerhafte(n) Position(en) im Balkendiagramm des Typisieren Dialogs manuell korrigieren und die Probe neu typisieren.
Die Probe wird gerade von Nutzer *xxx* bearbeitet!	Sie haben im Netzwerkbetrieb versucht, auf eine Probe zuzugreifen, die von einem anderen Nutzer bearbeitet wird. Dies wird unterbunden, um Konflikte zu vermeiden, die bei gleichzeitiger Bearbeitung derselben Maske entstehen können.
Zum XML-Export muss ein gültiges Exportprofil angegeben werden, da die XML-Datei gemeinsam mit der Export-Datei generiert wird!	Sie haben in der Exportmaske "XML-Export" ausgewählt. Sie müssen im Feld "Profilname" ein Exportprofil eintragen.
Profil existiert nicht oder passt nicht zum Reporttyp:	Das Feld "Profilname" ist leer oder das gewählte Profil hat das falsche Format. Tragen Sie bei "Profilname" ein passendes Profil ein.

6 Index

A

Administrator 13
Aktivieren der Testchargen 28
Allel 49
  Häufigkeit, Frequenz 19, 38, 44, 45
  Nomenklatur 19, 47, 50

B

Befund
  Druck/Export 38, 48, 54
  Optionen 18
Benutzerverwaltung 13
  Benutzer an/abmelden 17
  Benutzer einrichten 15

C

Cutoff 19, 44, 46, 47
  Durchschnittspegel 47

D

Datenbank-Update 10
Drucken 53

E

Einstellungen 22
  Benutzerverwaltung 14, 15
  Druckoptionen 54
  Laborverwaltung 18, 34, 47

F

Filtereinstellungen 37, 39

H

Helmberg Score 38, 53, 54

I

Import
  Import rückgängig machen 35
  Import von Testchargen 24
  Pipettiererdaten importieren 30, 34
Installation
  Installation der Clients 9
  Installation Einzelplatz Siehe Installation:Installation Server
  Installation Server 4

L

Labor-Verwaltung 18
Leistungsumfang 12

P

Patient
anlegen 32
importieren 33
zuordnen 38, 40, 41

R

Reaktionen 19, 38, 42
Cutoff und Durchschnittspegel 47

S

Suchen 37, 39
Systemvoraussetzung 3

T

Test anlegen 40, Siehe auch Import:Import von Testchargen
Träger
Träger definieren 30, 35
Träger löschen 31
Typisieren
Batchtypisierung 35, 38, 44, 47
Typisierungsdialog 18, 44, 45

Bio-Rad Medical Diagnostics GmbH
Industriestraße 1

63303 Dreieich - Germany

Tel. +49 (0) 6103 801-95
Fax +49 (0) 6103 801-724

techsupport.bmd@bio-rad.com
www.bio-rad.com

Bio-Rad Medical Diagnostics GmbH, 2010